

(12) DEMANDE INTERNATIONALE PUBLIÉE EN VERTU DU TRAITÉ DE COOPÉRATION
EN MATIÈRE DE BREVETS (PCT)

(19) Organisation Mondiale de la Propriété
Intellectuelle
Bureau international



(43) Date de la publication internationale
12 avril 2001 (12.04.2001)

PCT

(10) Numéro de publication internationale
WO 01/25439 A1

(51) Classification internationale des brevets⁷: C12N 15/29,
15/82, A01H 5/00

(74) Mandataire: JACOBSON, Claude; Cabinet Lavoix, 2,
place d'Estienne d'Orves, F-75441 Paris Cedex 09 (FR).

(21) Numéro de la demande internationale:
PCT/FR00/02596

(81) États désignés (*national*): AE, AG, AL, AM, AT, AU, AZ,
BA, BB, BG, BR, BY, BZ, CA, CH, CN, CR, CU, CZ, DE,
DK, DM, DZ, EE, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, HR, HU,
ID, IL, IN, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS,
LT, LU, LV, MA, MD, MG, MK, MN, MW, MX, MZ, NO,
NZ, PL, PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM, TR,
TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VN, YU, ZA, ZW.

(22) Date de dépôt international:
19 septembre 2000 (19.09.2000)

(25) Langue de dépôt: français

(26) Langue de publication: français

(30) Données relatives à la priorité:
99/12305 1 octobre 1999 (01.10.1999) FR

(84) États désignés (*régional*): brevet ARIPO (GH, GM, KE,
LS, MW, MZ, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZW), brevet eurasien
(AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), brevet européen
(AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU,
MC, NL, PT, SE), brevet OAPI (BF, BJ, CF, CG, CI, CM,
GA, GN, GW, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

(71) Déposant (*pour tous les États désignés sauf US*): BIO-
GEMMA [FR/FR]; 1, rue Edouard-Colonne, F-75001
Paris (FR).

Publiée:

— Avec rapport de recherche internationale.

(72) Inventeurs; et

(75) Inventeurs/Déposants (*pour US seulement*): BONELLO,
Jean-François [FR/FR]; 9, rue J. Monet, F-77600 Bussy
St Georges (FR). ROGOWSKY, Peter [GE/FR]; 31, rue
André Bollier, F-69007 Lyon (FR). PEREZ, Pascual
[FR/FR]; 17, chemin de la Pradelle, Varennes, F-63450
Chanonat (FR).

En ce qui concerne les codes à deux lettres et autres abrévia-
tions, se référer aux "Notes explicatives relatives aux codes et
abréviations" figurant au début de chaque numéro ordinaire de
la Gazette du PCT.



WO 01/25439 A1

(54) Title: PLANT SEED ENDOSPERM-SPECIFIC PROMOTER

(54) Titre: PROMOTEURS SPECIFIQUES DE L'ALBUMEN DES GRAINES DE VEGETAUX

(57) Abstract: The invention concerns promoter nucleotide sequences enabling expression of encoding sequences whereto they can be bound, which is specific of the endosperm region enclosing the embryo of seeds of Angiosperms and which intervene in particular in the early stages of endosperm development, and their use for agronomic or nutritional improvement of plants.

(57) Abrégé: Cette invention concerne des séquences nucléotidiques promotrices permettant une expression des séquences codantes auxquelles elles peuvent être liées, qui est spécifique de la région de l'albumen entourant l'embryon dans les graines des Angiospermes et qui intervient en particulier dans les stades précoces du développement de l'albumen, ainsi que leur utilisation pour l'amélioration agronomique ou nutritionnelle des plantes.

Promoteurs spécifiques de l'albumen des graines de végétaux

La présente invention se rapporte au contrôle de l'expression des gènes au cours du développement de l'albumen. Elle concerne en particulier des séquences nucléotidiques promotrices permettant une expression à la fois
5 spécifique à l'interface entre l'embryon et l'albumen et précoce au cours du développement de l'albumen.

L'albumen, formation caractéristique de la graine des Angiospermes, est un tissu nourricier pour l'embryon. C'est un tissu complexe
10 dans sa structure et son développement, en particulier chez les céréales. La zone centrale de l'albumen consiste en de larges cellules à vacuoles, qui stockent les réserves d'amidon et de protéines, tandis que la région entourant l'embryon se distingue par des cellules plutôt petites, occupées en grande partie par du cytoplasme. On ne connaît pas à ce jour la fonction de ces
15 cellules appelées "cellules cytoplasmiques denses" (Schel et al, 1984). En 1997, Opsahl et al ont identifié un gène exprimé spécifiquement dans cette région restreinte autour de l'embryon de maïs, gène qu'ils ont dénommé *Esr* (pour « Embryo Surrounding Region »).

Les auteurs de la présente invention ont maintenant isolé des
20 séquences nucléotidiques promotrices permettant une expression des séquences codantes auxquelles elles peuvent être liées, qui est spécifique de la région de l'albumen entourant l'embryon dans les graines des Angiospermes et qui intervient en particulier dans les stades précoces du développement de
25 l'albumen.

De telles séquences promotrices sont particulièrement utiles pour cibler ou réguler l'expression de gènes d'intérêt.

Dans le cadre d'une amélioration des plantes par transgénèse, on peut lier de manière opérante une telle séquence nucléotidique promotrice à
30 une séquence codant pour un gène d'intérêt.

La construction nucléotidique, préférentiellement insérée dans un vecteur, peut être utilisée pour transformer des cellules végétales de manière

stable, de telle sorte que la plante ainsi transformée contienne dans son génome le gène d'intérêt associé à la séquence promotrice de l'invention.

Les graines qui se développent, par fécondation, à partir de cette plante, contiennent également dans leur génome ce transgène.

5 Du fait de son association à la séquence promotrice de l'invention, ce transgène d'intérêt ne s'exprimera que dans la région de l'albumen entourant l'embryon, c'est-à-dire dans les cellules cytoplasmiques denses telles que mentionnées précédemment.

10 L'expression du transgène débute dès les premiers jours après la pollinisation, plus précisément dès le quatrième jour après la pollinisation.

Les séquences promotrices de l'invention peuvent être avantageusement choisies parmi les séquences comprenant les séquences SEQ ID n° 1, n°2, n°3, n°4, n°5, n° 6, ou n° 7 ou toute séquence nucléotidique homologue de celles-ci.

15 La séquence SEQ ID n° 1 correspond au promoteur du gène *Esr1*.

La séquence SEQ ID n° 2 correspond au promoteur du gène *Esr2*.

20 La séquence SEQ ID n° 3 correspond au promoteur du gène *Esr3*.

La séquence SEQ ID n° 4 correspond au promoteur du gène *Esr4*.

La séquence SEQ ID n° 5 correspond à un fragment de 499 paires de bases sur SEQ ID n° 2 (nucléotides 1995-2493).

25 La séquence SEQ ID n° 6 correspond à un fragment de 507 paires de bases sur SEQ ID n° 3 (nucléotides 1202-1708).

La séquence SEQ ID n° 7 est une séquence consensus de 265 nucléotides, obtenue par comparaison entre les séquences SEQ ID n°1, n°2 et n°3.

30 Par "séquence nucléotidique homologue", on entend toute séquence nucléotidique qui diffère de la séquence SEQ ID n°1, n° 2, n° 3 n° 4 , n°5, n°6 ou n° 7, par substitution, délétion, et/ou insertion d'un ou plusieurs nucléotides, à des positions telles que ces séquences nucléotidiques

homologues conservent la propriété de promoteur spécifique des séquences SEQ ID n° 1 à n° 7.

De préférence, une telle séquence nucléotidique homologue est identique à au moins 70 % des séquences SEQ ID n° 1 à n° 7, de préférence
5 au moins 80 %, de préférence encore au moins 95 %.

L'homologie est généralement déterminée en utilisant un logiciel d'analyse de séquences (par exemple, Sequence Analysis Software Package of the Genetics Computer Group, University of Wisconsin Biotechnology Center, 1710 University Avenue, Madison, WI 53705). Des séquences
10 nucléotidiques similaires sont alignées pour obtenir le maximum de degré d'homologie (i.e. identité). A cette fin, il peut être nécessaire d'introduire de manière artificielle des espaces (« gaps ») dans la séquence. Une fois l'alignement optimal réalisé, le degré d'homologie (i.e. identité) est établi par enregistrement de toutes les positions pour lesquelles les nucléotides des deux
15 séquences comparées sont identiques, par rapport au nombre total de positions.

De manière préférentielle, une telle séquence nucléotidique homologue hybride spécifiquement aux séquences complémentaires des séquences SEQ ID n° 1 à n° 7, dans des conditions stringentes. Les
20 paramètres définissant les conditions de stringence dépendent de la température à laquelle 50% des brins appariés se séparent (T_m).

Pour les séquences comprenant plus de 30 bases, T_m est définie par la relation : $T_m = 81,5 + 0,41(\%G+C) + 16,6 \log(\text{concentration en cations}) - 0,63(\%\text{formamide}) - (600/\text{nombre de bases})$ (Sambrook et al, Molecular
25 Cloning, A laboratory manual, Cold Spring Harbor laboratory Press, 1989, pages 9.54-9.62).

Pour les séquences de longueur inférieure à 30 bases, T_m est définie par la relation : $T_m = 4(G+C) + 2(A+T)$.

Dans des conditions de stringence appropriées, auxquelles les
30 séquences aspécifiques n'hybrident pas, la température d'hybridation est approximativement de 5 à 30°C, de préférence de 5 à 10°C en dessous de T_m , et les tampons d'hybridation utilisés sont de préférence des solutions de force ionique élevée telle qu'une solution 6xSSC par exemple.

Les différentes séquences nucléotidiques de l'invention peuvent être d'origine artificielle ou non. Il peut s'agir de séquences d'ADN, obtenues par criblage de banques de séquences au moyen de sondes élaborées sur la base des séquences SEQ ID n° 1 à n° 7. De telles banques peuvent être
5 préparées par des techniques classiques de biologie moléculaire, connues de l'homme de l'art.

Les séquences nucléotidiques selon l'invention peuvent également être préparées par synthèse chimique, ou encore par des méthodes mixtes incluant la modification chimique ou enzymatique de séquences
10 obtenues par criblage des banques.

Les séquences nucléotidiques promotrices de l'invention sont de préférence des séquences isolées à partir de céréales, en particulier de maïs.

Les séquences nucléotidiques promotrices selon la présente invention peuvent notamment être isolées par des méthodes de PCR inversée
15 ou de marche sur le génome (Devic et al , 1997).

Les séquences nucléotidiques promotrices de l'invention peuvent en outre comprendre ou être associées à un motif régulateur en *cis* CTACACCA, de préférence répété en tandem, ou tout autre motif comprenant une ou plusieurs bases dégénérées ayant la même fonction.
20

La présente invention a également pour objet une construction nucléotidique, appelée cassette d'expression, comprenant une séquence nucléotidique promotrice telle que définie précédemment liée de manière opérante à au moins un gène d'intérêt.

25 Ledit gène d'intérêt peut être également associé à d'autres éléments de régulation tels que des activateurs et des séquences de terminaison de transcription (terminateurs). A titre d'exemple de terminateur utilisable dans de telles constructions, on peut citer l'extrémité 3' du gène de la nopaline synthase d'*Agrobacterium tumefaciens*.

30 Ledit gène d'intérêt peut par exemple coder pour une protéine impliquée dans le développement de l'embryon et/ou de l'albumen, la croissance cellulaire, le métabolisme des sucres (invertase) et acides gras, le flux de nutriments (transporteurs). Il peut également coder pour une protéine

toxique, ou encore pour une protéine activatrice ou inhibitrice d'autres gènes, telle qu'une protéine inhibant un facteur de transcription (domaines de répression de type engrailed (Poole et al, 1985) ou corépresseurs par exemple).

5 Selon un mode préféré, le gène d'intérêt code pour une protéine dont l'expression spécifique dans la zone entourant l'embryon permettra de jouer sur la taille de l'embryon et/ou son développement. A titre d'exemple, ce gène peut coder pour une barnase ou isopentényl-transférase.

Le gène d'intérêt peut être placé en orientation sens ou antisens.

10 La séquence nucléotidique promotrice de l'invention peut également être associée à un gène marqueur, par exemple un gène permettant de sélectionner une plante transformée d'une plante qui ne contient pas l'ADN étranger transfecté. Comme gène marqueur, on peut citer notamment un gène conférant une résistance à un antibiotique (Herrera-Estrella et al, EMBO J. 2, 15 987-995 (1983) ou une résistance à un herbicide (EP 242 246).

L'invention a également pour objet tout vecteur nucléotidique, tel qu'un plasmide, utilisable pour la transformation de cellules hôtes, caractérisé en ce qu'il comprend une cassette d'expression telle que définie précédemment. La construction de vecteurs d'expression pour la 20 transformation est à la portée de l'homme du métier suivant les techniques standards.

L'invention a également pour objet une cellule hôte de plante Angiosperme, notamment de céréale, transformée par un vecteur selon l'invention.

25 L'invention concerne en outre une plante transgénique ou partie de plante transgénique, notamment semence, fruit et pollen, générée à partir d'une telle cellule.

Parmi les cellules susceptibles d'être transformées selon le procédé de l'invention, on peut citer à titre d'exemples des cellules de plantes 30 de grandes cultures (maïs, blé, colza, tournesol, pois, soja, orge..) ou des plantes potagères et fleurs. Préférentiellement, on peut choisir des plantes connues pour contenir de grandes réserves (protéiques, glucidiques et lipidiques), notamment les plantes céréalières ou les plantes oléagineuses.

Les plantes hybrides obtenues par le croisement de plantes selon l'invention, font aussi partie de l'invention.

L'invention a également pour objet un procédé d'obtention d'une plante Angiosperme présentant des qualités agronomiques ou nutritionnelles améliorées, comprenant les étapes consistant à :

- transformer au moins une cellule de plante Angiosperme par un vecteur tel que défini précédemment ;
- cultiver la cellule ainsi transformée de manière à générer une plante contenant dans son génome une cassette d'expression selon l'invention.

La transformation de cellules végétales peut être réalisée par les techniques connues de l'homme du métier.

On peut citer notamment les méthodes de transfert direct de gènes telles que la microinjection directe dans des embryoïdes de plante (Neuhaus et Coll., 1987), l'infiltration sous vide (Bechtold et al., 1993) ou l'électroporation (Chupeau et Coll., 1989) ou encore la précipitation directe au moyen de PEG (Schocher et Coll., 1986) ou le bombardement par canon de particules recouvertes de l'ADN plasmidique d'intérêt (Fromm M. et al., 1990).

On peut également infecter la plante par une souche bactérienne notamment d'*Agrobacterium*. Selon un mode de réalisation du procédé de l'invention, les cellules végétales sont transformées par un vecteur selon l'invention, ledit hôte cellulaire étant susceptible d'infecter lesdites cellules végétales en permettant l'intégration dans le génome de ces dernières, des séquences nucléotidiques d'intérêt initialement contenues dans le génome de vecteur susmentionné. Avantageusement, l'hôte cellulaire susmentionné utilisé est *Agrobacterium tumefaciens*, notamment selon la méthode décrite dans l'article d'An et al, (1986), ou encore *Agrobacterium rhizogenes*, notamment selon la méthode décrite dans l'article de Guerche et al, (1987).

Par exemple, la transformation des cellules végétales peut être réalisée par le transfert de la région T du plasmide circulaire extra-chromosomique inducteur de tumeurs Ti d'*Agrobacterium tumefaciens*, en utilisant un système binaire (Watson et al, 1994). Pour ce faire, deux vecteurs sont construits. Dans l'un de ces vecteurs, la région T a été éliminée par délétion, à l'exception des bordures droite et gauche, un gène marqueur étant

inséré entre eux pour permettre la sélection dans les cellules de plantes. L'autre partenaire du système binaire est un plasmide Ti auxiliaire, plasmide modifié qui n'a plus de région T mais contient toujours les gènes de virulence *vir*, nécessaires à la transformation de la cellule végétale.

5 Selon un mode préféré, on peut utiliser la méthode décrite par Ishida et al (1996) pour la transformation des Monocotylédones.

 Selon un autre protocole, la transformation est réalisée selon la méthode décrite par Finer et al, (1992) utilisant le canon à particules de tungstène ou d'or.

10

 L'invention a également pour objet l'utilisation des séquences nucléotidiques promotrices visées précédemment, dans des constructions moléculaires destinées à améliorer la qualité agronomique, alimentaire, ou industrielle d'une plante, en jouant notamment sur la taille de l'embryon ou de
15 l'albumen et/ou son développement.

 En effet, une action précoce et spécifique sur le développement des tissus de l'embryon et de l'albumen peut être recherchée : selon la taille relative de l'un ou l'autre tissu, il sera possible d'obtenir des graines ou fruits enrichis en amidon (gros albumen) et/ou huile (gros embryon), via l'utilisation,
20 respectivement de gènes stimulateurs (hormone du cycle cellulaire par exemple) ou de gènes inhibiteurs (protéine toxique ou inhibiteur de transcription, par exemple). Des albumens sans embryons pourraient également être obtenus selon ce modèle, pour des applications industrielles en amidonnerie et semoulerie.

25 A titre d'exemple, l'utilisation de gènes codant pour des hormones (cytokinines, auxines) du cycle cellulaire, sous contrôle des promoteurs décrits selon l'invention, permettrait de modifier les processus de cellularisation et, de façon corrélée, le développement de l'albumen, au vu des travaux de R. J. Scott (1998).

30 Une action sur l'accumulation de nutriments dans l'embryon et de l'albumen peut être également recherchée, en utilisant par exemple comme gènes d'intérêts, des gènes codant pour des transporteurs de nutriments (sucres notamment) aux interfaces plante mère/albumen et albumen/embryon,

ou des gènes codant pour des inhibiteurs de ces transports, pour une accumulation différentielle de nutriments dans l'albumen ou l'embryon.

L'invention vise donc également des procédés pour modifier les qualités agronomiques et/ou nutritionnelles d'une plante, par une action ciblée et précoce sur le développement de l'embryon/albumen, utilisant la transformation des plantes avec un vecteur selon l'invention. En particulier, elle s'intéresse à la modification de la taille et/ou du développement de l'embryon/l'albumen. Elle vise également l'altération du développement de l'embryon, en vue de produire des grains sans embryons pour les céréales notamment, présentant un intérêt pour les industries de l'amidonnerie et de la semoulerie.

L'invention a plus précisément pour objet l'utilisation d'une cassette d'expression telle que définie précédemment, pour l'obtention d'une plante Angiosperme transgénique présentant des qualités agronomiques ou nutritionnelles améliorées.

De manière avantageuse, la plante transgénique obtenue peut produire des graines à teneurs en amidon ou en huile modifiées en comparaison avec une plante non transformée.

L'invention concerne également l'utilisation des plantes transgéniques obtenues selon l'invention, ou parties de ces plantes, notamment semences, grains et fruits pour la préparation de produits dérivés, notamment de produits alimentaires.

Rentrent également dans l'invention les produits obtenus, que ce soit des semences enrichies en huile, farines de semences ou grains enrichis en amidon ou en huile.

L'invention a enfin pour objet toute composition pour l'alimentation humaine ou animale préparée à partir desdits produits obtenus.

Les figures et exemples ci-après illustrent l'invention sans en limiter sa portée.

LEGENDE DES FIGURES

- La figure 1 représente un schéma illustrant les étapes du clonage des promoteurs *Esr*.
- La figure 2 représente la carte de restriction du plasmide L82/34, comprenant notamment le promoteur *pEsr1* fusionné à *Gus*.
- La figure 3 représente la carte de restriction du plasmide L124/19, comprenant notamment le promoteur *pEsr2* fusionné à *Gus*.
- La figure 4 représente la carte de restriction du plasmide L127a5, comprenant notamment le promoteur *pEsr3* fusionné à *Gus*.
- La figure 5 représente la carte de restriction du plasmide L78a1, comprenant notamment le promoteur *pEsr1* fusionné à *Ipt*.
- La figure 6 représente la carte de restriction du plasmide L125a2, comprenant notamment le promoteur *pEsr2* fusionné à *Ipt*.
- La figure 7 représente la carte de restriction du plasmide L77a101, comprenant notamment le promoteur *pEsr1* fusionné à *Barnase*.
- La figure 8 représente la carte de restriction du plasmide L126a3, comprenant notamment le promoteur *pEsr2* fusionné à *Barnase*.
- La figure 9 représente une comparaison des séquences des promoteurs des gènes *Esr1*, *Esr2* et *Esr3* (respectivement pr*Esr1*, pr*Esr2* et pr*Esr3*, ou SEQ ID n° 1, SEQ ID n° 2 et SEQ ID n° 3), les parties conservées étant alignées.
- La figure 10 représente la carte de restriction du plasmide pWP280.
- La figure 11 représente la carte de restriction du plasmide L129/46, comprenant notamment le promoteur *pEsr2* fusionné à la séquence *Esr2* en antisens.

EXEMPLES

EXEMPLE 1 :

Expression quantitative *Esr1*, 2, 3

5 Les travaux de Opsahl-Ferstad et al. (1997) ont permis d'identifier par "differential display" un amplicon spécifique de l'albumen *Esr_a1* (numéro d'accès sur la base de données EMBL : X98495) et d'isoler, par criblage de banques génomiques et complémentaires sur lignée hybride HD5*HD7 (Barloy et coll., 1989) et lignée A188 (Gerdes et Tracy, 1993) respectivement, des
10 clones correspondants. A partir des séquences génomiques *Esr1g1* (numéro d'accès sur EMBL : X98497) et *Esr2g1* (numéro d'accès sur EMBL : X98499) et *Esr3g2* (numéro d'accès sur EMBL : X99970) notamment, trois gènes *Esr1*, *Esr2* et *Esr3* ont pu être mis en évidence.

Les auteurs de la présente invention ont évalué les contributions
15 relatives d'expression de chacun des gènes *Esr* grâce à des expériences de RT-PCR, digestion par enzymes de restriction et quantification selon les méthodes connues de l'homme de métier, à partir de matériel JAP 7 et JAP 9 (Jour Après Pollinisation).

La quantification des différentes bandes identifiées sur gel de
20 migration révèle des contributions relatives de 18 %, 53 % et 29 % en moyenne, pour les transcrits de *Esr1*, *Esr2* et *Esr3*, respectivement. Le promoteur de *Esr2* permet donc une expression quantitative la plus forte du gène qu'il contrôle.

25

EXEMPLE 2 :

Isolement et clonage des séquences promotrices

Comme illustré dans la figure 1, des fragments contenant les phases de lecture ouvertes d'*Esr1*, *Esr2* et *Esr3* (Opsahl et al, 1997) ainsi que
30 des séquences en amont et en aval ont été sous-clonés dans le plasmide pBluescript SK+ (Stratagene) selon les méthodes décrites dans Sambrook et al (1989). Ont résulté le plasmide L23/7 contenant un fragment Sall de 2,1 kb de λ *Esr1g1*, le plasmide L33/1 contenant un fragment BamHI de 3,4 kb de

λEsr2g1, le plasmide L33/10 contenant un fragment BamHI de 1,9 kb de λEsr2g1 et le plasmide L102c24 contenant un fragment HindIII de 4,5 kb de λE1-111. Des sites XbaI situés juste en amont de la phase de lecture ouverte (TCTAGATTCCATG) ont permis de différencier les promoteurs putatifs des phases de lecture ouvertes respectives. En particulier, le fragment Sall/XbaI de 0,53 kb de L23/7 a été désigné comme promoteur putatif d'Esr1, le fragment HindIII/BamHI de 2,35 kb de L33/1 (partie amont du promoteur) et le fragment BamHI/XbaI de 0,14 kb de L33/10 (partie aval du promoteur), celui du promoteur putatif d'Esr2, le fragment HindIII/XbaI de 1,71 kb, celui du promoteur putatif d'Esr3 et le fragment XbaI/XbaI de 1,62 kb comprenant le promoteur putatif d'Esr4. Un promoteur Esr2 fonctionnel de 2,49 kb a été reconstitué à partir du fragment HindIII/BamHI de 2,35 kb de L33/1 et du fragment BamHI/XbaI de 0,14 kb de L33/10, dans un plasmide de base de type pBSSK+ (Stratagène). L'orientation des flèches sur la figure 1 représente l'orientation 5'-3'.

EXEMPLE 3 :

Structure des séquences en amont des gènes *Esr*

Des comparaisons entre les séquences des régions 5' ont montré deux types d'homologies : une séquence hautement conservée qui correspond à une séquence proximale de 265 paires de bases et des séquences de rétrotransposons dans la partie distale. Comme les séquences de rétrotransposons sont dans des orientations et positions différentes dans les trois promoteurs, elles ne semblent pas jouer un rôle dans l'expression des gènes Esr. Par conséquent, les 265 paires de bases contiendraient tout l'information *cis* nécessaire à une expression de gènes spécifique de la région entourant l'embryon.

La séquence consensus (SEQ ID n° 7) a été obtenue après alignement des trois séquences nucléotidiques promotrices et utilisation du logiciel Sequencher 3.1 de Genes Codes Corporation (Ann. Arbor, MI 48106).

Les bases dégénérées sont décrites dans Nomenclature Committee of the International Union of Biochemistry (1985) : Nomenclature for

incompletely specified bases in nucleic acid sequences. European Journal of Biochemistry 150:1-5.

En particulier,

B=C, G ou T mais pas A

5 D=A, G ou T mais pas C

H=A, C ou T mais pas G

K=G ou T

M=A ou C

N=G, A, T ou C

10 R=G ou A

S=C ou G

V=A, C, ou G mais pas T

W=A ou T

X=G, A, T ou C

15 et Y=C ou T.

On observe également une homologie entre les régions proximales qui s'étend sur environ 500 paires de bases entre le promoteur de *Esr2* et celui de *Esr3*, comme défini par les séquences SEQ ID n° 5 et n° 6.

La présence d'éléments agissant en cis est recherchée parmi les
20 séquences conservées, la plus remarquable étant CTACACCA, en tandem juste 50 bases en amont de la phase ouverte de lecture (figure 9). Cette séquence est un bon candidat pour être un élément responsable d'une expression génique tissu-spécifique. La première de ces répétitions est d'ailleurs placée dans la boucle de la répétition inversée la plus importante
25 trouvée dans les trois promoteurs. Les séquences répétées plus de deux fois ne sont conservées qu'entre les promoteurs *pEsr2* et *pEsr3*, dans la région manquante de *Esr1* : par exemple les séquences ATTCT et TTTTA, chacune étant répétée quatre fois, potentiels enhancers de transcription au vu de l'expression plus faible de *Esr1* (figure 9).

30 Pour démontrer la fonctionnalité des éléments *cis*, des construits comprenant des séquences nucléotidiques promotrices délétées, fusionnées à *GUS*, ont été préparées.

A titre d'exemple, deux techniques ont été utilisées pour créer des délétions du promoteur Esr2 :

- par digestion extensive de 5' vers 3' sur le fragment HindIII-XbaI à l'aide du kit Erase-a-base™ de Promega (constructions L140).

5 - par amplification PCR de fragments du promoteur (constructions L194).

Les plasmides L140 et L194 contiennent des promoteurs Esr2 délétés fusionnés à un gène rapporteur Gus et un terminateur, selon les techniques décrites à l'exemple suivant.

10 Pour l'étape de transformation, les fragments contenant les construits 'promoteurs Esr2 délétés - Gus -ter' ont été transférés dans un autre plasmide contenant le construit 'promoteur ubiquitin-luciférase-ter', ce dernier servant de standard interne pour quantifier l'activité Gus et corriger l'effet position de l'insertion du transgène dans le génome sur l'expression, variable

15 d'une plante transformée à l'autre.

Sont répertoriés dans le tableau 1 suivant les fragments du promoteur Esr2 issus de ces délétions.

Tableau 1 :

Technique de délétion choisie	Fragment restant du promoteur Esr2*
Digestion kit (L140)	985-2493
	1254-2493
	1865-2493
	1874-2493
	1880-2493
	2077-2493
Amplification PCR (L194)	2163-2493
	2275-2493
	2373-2493

20

* La numérotation du promoteur Esr2 est basée sur la séquence pEsr2 présentée en annexe (SEQ ID n° 2), qui va de HindIII (AAGCTT ou A = position 1) à XbaI (TCTAGA ou A = position 2493)

Pour démontrer la fonctionnalité des séquences nucléotidiques promotrices décrites ci-dessus, les inventeurs les ont clonées en amont du gène rapporteur GUS et ont utilisé les construits obtenus pour la transformation
5 de plantes.

De manière préférée, les promoteurs délétés *Esr2* ont été obtenus selon les protocoles suivants :

Premièrement, des délétions de 5' vers 3' ont été effectuées à l'aide de l'exonucléase III. Le plasmide L124/19 contenant le promoteur du
10 gène *Esr2* couplé au gène de la β -glucuronidase décrit à l'exemple 4.1 a été digéré par HindIII pour générer un site d'initiation des délétions et par PstI pour créer un site de protection contre l'action de l'exonucléase III. Les délétions ont été effectuées avec le kit Erase-a-baseTM (Promega).

Deuxièmement, des fragments de promoteur ont été amplifiés à l'aide de l'amorce ESRX (5'GGGGTCTAGACTGTGAAGCTATTTTCCA3' (SEQ
15 ID n° 8)) contenant le site de restriction XbaI (souligné) et ESRH1 (5'GGGGAAGCTTTACATTCTTGCCATAACATA3' (SEQ ID n° 9)), ESRH2 (5'GGGGAAGCTTTTCATCAATAATGCCTCATT3' (SEQ ID n° 10)) ou ESRH3 (5'GGGGAAGCTTTTAATTTCTTACTTCCTATCT3' (SEQ ID n° 11)) contenant
20 le site de restriction HindIII (souligné). Les produits d'amplification digérés par XbaI et HindIII ont remplacé le promoteur *Esr2* entier en amont du gène de la β -glucuronidase dans le plasmide L124/19.

Les promoteurs délétés associés au gène de la β -glucuronidase ont ensuite été clonés dans un plasmide contenant le gène de la luciférase sous le contrôle
25 du promoteur de l'actine du riz. Ce dernier a été obtenu par clonage du fragment XhoI/NcoI du plasmide pAct1-F4 (Mc Elroy D. et al., Mol Gen Genet., 231 :150-160, 1991) correspondant au promoteur et premier intron de l'actine du riz, dans un plasmide de type pGP214 contenant le gène de la luciférase et le terminateur de la nopaline synthase (Twell D. et al., Development 109, 705-
30 713, 1990), digéré par Sall/NcoI. Un adaptateur contenant les sites de restriction Sall et NotI, formés des nucléotides 5'GGCCAGTCGACAAAGCGGCCGCATGCA3' (SEQ ID n° 12) et 5'TCAGCTGTTTCGCCGGCGT3' (SEQ ID n° 13) a été introduit dans le

plasmide obtenu, digéré par NotI et PstI (plasmide L210). Les fragments Sall/NotI contenant les promoteurs délétés associés au gène de la β -glucuronidase ont été clonés dans le plasmide L210 digéré par Sall et NotI.

5

EXEMPLE 4 :

Préparation des construits chimériques

Toutes les constructions peuvent être réalisées notamment selon les méthodes décrites dans Sambrook et al. (1989). Les adaptateurs, pouvant être utilisés à titre d'exemple pour cloner ces fragments en amont des différents gènes effecteurs, sont décrits dans les cartes de restriction des plasmides correspondantes.

10

4-1 Construits chimériques GUS

15

Le plasmide L23/7 (Esr1) a été délété d'un fragment SacI contenant des sites de restriction non souhaitables. Puis un fragment XbaI/EcoRI de 2164 paires de bases du plasmide pBI101 (Jefferson et al., 1987) contenant un gène *Gus* (codant pour la β -glucuronidase mais dépourvu de promoteur) et une séquence terminatrice *nos*, a été introduit. Le nouveau plasmide ainsi formé a alors été digéré par XhoI et le produit de digestion contenant la région promotrice associée au gène *Gus* et positionnée en amont de ce dernier, a été sous cloné dans le vecteur pBCKS+ (Stratagene) de manière à ce que le promoteur soit à proximité de la zone d'hybridation de l'amorce T7, permettant ainsi l'obtention du plasmide L82/34 (figure 2, tableau 2).

20

25

Selon un protocole semblable et avec les enzymes de restriction indiquées dans les figures correspondantes, ont pu être obtenus les plasmides L124/19 (pEsr2-GUS, figure 3, tableau 3) et L127a5 (pEsr3-GUS, figure 4, tableau 4).

30

Il est également possible d'utiliser d'autres gènes rapporteurs en remplacement de GUS, par exemple la GFP (Green Fluorescent Protein, Siemering KR et al., 1996), pour confirmer les résultats obtenus avec GUS.

Selon un protocole semblable à celui décrit précédemment, le fragment HindIII-XbaI du promoteur pEsr2 a été fusionné à la séquence codant pour la GFP.

Tableau 2 : Caractéristiques du plasmide L82/34

Fragment	Position	Référence
pEsr1	741-1272	
Gus	1302-3107	
ter nos	3181-3434	
cat	5878-5223	
pBCKS+	1-740	Stratagene
L23/7 (pEsr1)	741-1272	Opsahl-Ferstad et al, 1997* et cet exemple
pBI101	1273-3436	Jefferson et al, 1987
L23/7 (en amont)	3437-3763	Opsahl-Ferstad et al, 1997 et cet exemple
pBSSK+	3764-3769	Stratagene
pBCKS+	3770-6428	Stratagene

5

* l'insert correspond au fragment Esr1g1 dessiné dans la figure 4 d'Opsahl-Ferstad et al, 1997

Tableau 3 : Caractéristiques du plasmide L124/19

10

Fragment	Position	Référence
pEsr2	689-3175	
Gus	3205-5010	
ter nos	5084-5337	
bla	7441-6584	
pBSSK+	1-674	Stratagene
Linker JFB 34	675-688	cet exemple ¹⁾
L33/1 (pEsr2')	689-3037	cet exemple **
L33/10 (pEsr2'')	3038-3175	Opsahl-Ferstad et al, 1997 et cet exemple**
pBI101	3176-5339	Jefferson et al, 1987
linker JFB56	5340-5346	cet exemple ²⁾
pBSSK+	5347-7566	Stratagene

** les inserts sont présentés en partie comme fragment Esr2g1 dans la figure 4 de Opsahl-Ferstad et al, 1997

¹⁾ adaptateur JFB34 : 5' TCGACTGCAGCCCA 3' (SEQ ID n° 14)

3' GACGTCGGGTTCGA 5' (SEQ ID n° 15)

²⁾ adaptateur JFB56 : 5' CTAGACCCGAATTTCGC 3' (SEQ ID n° 16)

3' TGGGCTTAAGCGCCGG 5' (SEQ ID n° 17)

15

Tableau 4 : Caractéristiques du plasmide L127a5

Fragment	Position	Référence
pEsr3	689-2390	
Gus	2420-4225	
ter nos	4229-4552	
bla	6656-5799	
Pbssk+	1-674	Stratagene
Linker JFB 34	675-688	cet exemple
L102c24 (pEsr3)	689-2390	cet exemple
pBI101	2391-4554	Jefferson et al, 1987
linker JFB56	4555-4561	cet exemple
pBSSK+	4562-6781	Stratagene

5

4-2 Construits chimériques ipt

Le gène *ipt* code pour l'isopentényl-transférase, qui est une enzyme impliquée dans la synthèse de la cytokinine, phytohormone jouant un rôle dans la croissance cellulaire végétale. La séquence du gène a été déterminée par Heidekamp F. et al (1983). Des travaux antérieurs ont montré par ailleurs que cette séquence, sous le contrôle d'un promoteur spécifique de l'ovule permettait d'augmenter le contenu en matière sèche dans le fruit, chez la tomate Martineau B. et al. (1995).

Selon les méthodes de clonage décrites ci-dessus et avec les fragments d'acides nucléiques et enzymes de restriction indiquées dans les figures correspondantes, ont pu être préparés des construits pEsr1-*ipt* (figure 5, tableau 5) et pEsr2-*ipt* (figure 6, tableau 6). Il est également possible d'obtenir un construit pEsr3-*ipt*, selon le même protocole. Pour la préparation de ces construits, des sites *Nco*I (CCATGG) chevauchant le codon ATG du début de la phase de lecture ouverte ont été utilisés au lieu des sites *Xba*I.

Tableau 5 : Caractéristiques du plasmide L78a1

Fragment	Position	Référence
pEsr1	310-844	
ipt	846-1565	
ter ipt	1566-1850	
bla	2963-3823	
pUC118	1-231-	Boehringer
L23/7 (pEsr1)	232-844	Opsahl-Ferstad et al, 1997 et cet exemple
mutation ponctuelle	845	Zhang et al, 1996
pRZ1	846-1883	Zhang et al, 1995
pUC118	1884-4763	Boehringer

5

Tableau 6 : Caractéristiques du plasmide L125a2

Fragment	Position	Référence
pEsr2	689-3183	
ipt	3185-3904	
ter ipt	3905-4189	
bla	6309-5449	
pBSSK+	1-674	Stratagene
Linker JFB 34	675-688	cet exemple
L33/1 (pEsr2')	689-3037	cet exemple
L33/10 (pEsr2'')	3038-3183	Opsahl-Ferstad et al, 1997 et cet exemple
mutation ponctuelle	3184	Zhang et al, 1996
pRZ1	3185-4198	Zhang et al, 1995
adaptateur JFB56	4199-4214	cet exemple
pBSSK+	4215-6434	Stratagene

4-3 Construits chimériques barnase

Le gène barnase code pour une RNase. Ce gène a été isolé à partir de *Bacillus amyloliquefaciens* (Hartley, 1988). Son utilisation pour créer des plantes mâles stériles a été décrite dans la demande EP 344 029 et publiée par Mariani et al (1990).

Dans le cadre de l'invention, les plasmides L77a101 (pEsr1~barnase) et L126a3 (pEsr2~barnase) décrits aux figures 7 (tableau 7) et 8 (tableau 8) ont été obtenus à partir du plasmide 'promoteur A6~barnase' décrit dans WO 92/11379, par le remplacement du pA6 par les promoteurs

pEsr1 et pEsr2 respectivement, selon les techniques connues de l'homme de métier.

On peut également obtenir un construit pEsr3-Barnase, selon un protocole semblable.

5

Tableau 7 : Caractéristiques du plasmide L77a101

Fragment	Position	Référence
pEsr1	80-605	
Barnase	613-945	
ter CaMV	1571-2257	
bla	4324-3467	
pA3	I-28	Scott et al, 1992
L23/7 (pEsr1)	29-605	Opsahl-Ferstad et al, 1997 et cet exemple
pA3	606-4473	Scott et al, 1992

Tableau 8 : Caractéristiques du plasmide L126a3

Fragment	Position	Référence
pEsr2	43-2529	
Barnase	2537-2869	
ter CaMV	3495-4181	
bla	6248-5391	
pA3	I-28	Scott et al, 1992
linker JFB34	29-42	cet exemple
L33/1 (pEsr2')	43-2391	cet exemple
L33/10 (pEsr2'')	2392-2529	Opsahl-Ferstad et al, 1997 et cet exemple
pA3	2530-6397	Scott et al, 1992

10

4-4 Construit chimérique antiEsr2

Le promoteur Esr2 fonctionnel reconstitué (2,49kb) décrit à l'exemple 2 et choisi préférentiellement au vu des résultats d'expression quantitative décrits à l'exemple 1, a été fusionné à la séquence Esr2g2 (Opsahl et al., 1997) prise en orientation antisens, elle-même fusionnée au terminateur Nos.

De manière préférée, le construit chimérique contenant le gène *Esr2* en antisens sous contrôle de son propre promoteur a été obtenu selon le protocole suivant :

20

Dans un plasmide dérivé du pJIT30 contenant le promoteur 35S, un site multiple de clonage et la séquence terminateur du virus de la mosaïque du chou (Guerineau F. et al., Plant Mol Biol, 15 : 127-136, 1990), un adaptateur contenant un site SpeI et formé des oligonucléotides
5 (5'GATCCACTAGTCCCG (SEQ ID n° 18)) et (5'AATTCGGGACTAGTG (SEQ ID n° 19)) a été inséré entre des sites BamHI et EcoRI. Le fragment EcoRI/SpeI du plasmide L42 a14 (Opsahl-Ferstad et coll., 1997) a été inséré dans le plasmide décrit précédemment. La construction ainsi obtenue
10 35S (plasmide L79 b5).

Le promoteur 35S a été supprimé dans le plasmide L79 b5 par restriction par SacI et HindIII, et remplacé par un adaptateur contenant les sites de restriction HindIII et NotI et formé des oligonucléotides
(5'AAGCTTTTTGCGGCCGC (SEQ ID n° 20)) et
15 (5'TCGAGCGGCCGCAAAAAGCTTAGCT (SEQ ID n° 21)). Le promoteur *Esr2* sous forme d'un fragment HindIII/NotI de 2,44 kb a été introduit dans cet adaptateur. La construction ainsi obtenue contient le gène *Esr2* en orientation antisens sous le contrôle de son propre promoteur (plasmide L129/46 (cf figure 11)).

20 Selon un protocole semblable, on peut obtenir les construits comprenant le promoteur *Esr2* fusionné aux séquences antisens *Esr1* et *Esr3* respectivement. Il est également possible d'obtenir le même type de construits chimériques avec les autres promoteurs *Esr* selon l'invention.

Des construits comprenant le promoteur constitutif 35S fusionné
25 aux séquences antisens *Esr* décrites ci-dessus ont également été obtenus.

EXEMPLE 5 :

**Obtention de plantes transgéniques (nécessité de la
30 transformation stable du maïs)**

Des expériences d'expression transitoire utilisant la transformation par bombardement de cellules végétales, avec des construits chimériques p*Esr*~GUS et promoteur constitutif~Gus respectivement, n'ont pas

donné de résultats mettant en évidence la spécificité d'expression des promoteurs testés : aucune activité GUS n'a été visualisée dans la zone définie par les cellules Esr. La petite taille de cette zone et d'autres particularités propres pourraient expliquer le fait que la technique est inadaptée en conditions standards pour une expression transitoire. A titre d'exemple, les promoteurs constitutifs testés en contrôle sont les promoteurs actine de riz (McElroy et al., 1992), ubiquitine de maïs (Christensen et al., 1996), Adh de maïs (Dennis et al., 1984) et 35S (Odell et al., 1985), ont donné une coloration bleue dans tout l'albumen, démontrant la fonctionnalité du système de transformation, mais pas dans la zone entourant l'embryon, ce qui confirme l'inadaptation du système à cette zone.

La transformation visant une expression stable devenait donc nécessaire pour étudier la spécificité d'expression des promoteurs selon l'invention.

5-1 Canon à particules

La méthode utilisée repose sur l'utilisation d'un canon à particules identique à celui décrit par J. Finer (1992). Les cellules cibles sont des cellules indifférenciées en divisions rapides ayant conservé une aptitude à la régénération de plantes entières. Ce type de cellules compose le cal embryogène (dit de type II) de maïs. Ces cals sont obtenus à partir d'embryons immatures de génotype Hill selon la méthode et sur les milieux décrits par Armstrong (Maize Handbook ; 1994 M. Freeling, V. Walbot Eds ; pp.665-671). Ces fragments des cals d'une surface de 10 à 20 mm² ont été disposés, 4h avant bombardement, à raison de 16 fragments par boîte au centre d'une boîte de Petri contenant un milieu de culture identique au milieu d'initiation, additionné de 0,2 M de mannitol + 0,2 M de sorbitol. Les plasmides décrits dans les exemples précédents et portant les gènes à introduire, sont purifiés sur colonne Qiagen^R en suivant les instructions du fabricant. Ils sont ensuite précipités sur des particules de tungstène (M10) en suivant le protocole décrit par Klein (1987). Les particules ainsi enrobées sont projetées vers les cellules cibles à l'aide du canon et selon le protocole décrits par J. Finer (1992). Les boîtes de cals ainsi bombardées sont ensuite scellées à l'aide de Scellofrais^R

puis cultivées à l'obscurité à 27°C. Le premier repiquage a lieu 24h après, puis tous les quinze jours pendant 3 mois sur milieu identique au milieu d'initiation additionné d'un agent sélectif. On obtient après 3 mois ou parfois plus tôt, des cals dont la croissance n'est pas inhibée par l'agent sélectif, habituellement et majoritairement composés de cellules résultant de la division d'une cellule ayant intégré dans son patrimoine génétique une ou plusieurs copies du gène de sélection. La fréquence d'obtention de tels cals est d'environ 0,8 cal par boîte bombardée.

Ces cals sont identifiés, individualisés, amplifiés puis cultivés de façon à régénérer des plantules, en modifiant l'équilibre hormonal et osmotique des cellules selon la méthode décrite par Vain et al. (1989). Ces plantes sont ensuite acclimatées en serre où elles peuvent être croisées pour l'obtention d'hybrides ou autofécondées.

5-2. Transformation par *Agrobacterium*

Une autre technique de transformation utilisable dans le cadre de l'invention utilise *Agrobacterium tumefaciens*, selon le protocole décrit par Ishida et al (1996), notamment à partir d'embryons immatures de 10 jours après la fécondation. Tous les milieux utilisés sont référencés dans la référence citée. La transformation débute avec une phase de co-culture où les embryons immatures des plantes de maïs sont mis en contact pendant au moins 5 minutes avec *Agrobacterium tumefaciens* LBA 4404 contenant les vecteurs superbinaires. Le plasmide superbinaire est le résultat d'une recombinaison homologue entre un vecteur intermédiaire porteur de l'ADN-T contenant le gène d'intérêt et/ou le marqueur de sélection dérivé des plasmides décrits dans les exemples précédents, et le vecteur pSB1 de Japan Tobacco (EP 672 752) qui contient : les gènes virB et virG du plasmide pTiBo542 présent dans la souche supervirulente A281 d'*Agrobacterium tumefaciens* (ATCC 37349) et une région homologue retrouvée dans le vecteur intermédiaire permettant cette recombinaison homologue. Les embryons sont ensuite placés sur milieu LSAs pendant 3 jours à l'obscurité et à 25°C. Une première sélection est effectuée sur les cals transformés : les cals embryogènes sont transférés sur milieu LSD5 contenant de la phosphinotricine

à 5 mg/l et de la céfotaxime à 250 mg/l (élimination ou limitation de la contamination par *Agrobacterium tumefaciens*). Cette étape est menée 2 semaines à l'obscurité et à 25°C. La deuxième étape de sélection est réalisée par transfert des embryons qui se sont développés sur milieu LSD5, sur milieu
5 LSD10 (phosphinotricine à 10 mg/l) en présence de céfotaxime, pendant 3 semaines dans les mêmes conditions que précédemment. La troisième étape de sélection consiste à exciser les cals de type I (fragments de 1 à 2 mm) et à les transférer 3 semaines à l'obscurité et à 25°C sur milieu LSD 10 en présence de céfotaxime.

10 La régénération des plantules est effectuée en excisant les cals de type I qui ont proliféré et en les transférant sur milieu LSZ en présence de phosphinotricine à 5 mg/l et de céfotaxime pendant 2 semaines à 22°C et sous lumière continue.

Les plantules ayant régénéré sont transférées sur milieu RM + G2
15 contenant 100mg/l d'Augmentin pendant 2 semaines à 22°C et sous illumination continue pour l'étape de développement. Les plantes obtenues sont alors transférées au phytotron en vue de leur acclimatation.

20 5-3 Mode préféré pour les construits barnase : re-transformation de cals act-barstar

Les construits chimériques barnase décrits à l'exemple 3 peuvent être utilisés pour des transformations classiques selon l'une ou l'autre des techniques décrites précédemment.

Selon un mode préféré, adapté au caractère toxique de la
25 barnase, on utilise pour la transformation des cals pré-transformés contenant le gène barstar, qui code pour un inhibiteur spécifique de la Barnase (Hartley, 1988). Ce gène sert de 'protection' pendant le processus de régénération de ces cals, qui se fait essentiellement à partir de l'embryogénèse chez le maïs.

- étape a : obtention d'une lignée exprimant le barstar et un
30 plasmide contenant le gène de résistance à l'hygromycine : Une première étape de transformation est réalisée selon l'un des protocoles décrits, avec le plasmide pWP280 contenant la cassette pActin-intron~Barstar~Nos poly A.

Cette cassette a été obtenue selon les étapes suivantes : le fragment barnase a été amplifié par PCR à partir du plasmide pTG2 (Horovitz et al, 1990) puis sous-cloné en tant que fragment Xba1/HindIII dans le plasmide pBluescript KS+ (Stratagene) donnant le plasmide pWP118.

5 Le gène barstar a ensuite été transféré en tant que fragment Xba1/HincII dans un site Xba1/SmaI du plasmide pW90, dérivé du plasmide pJIT30 décrit par Guerineau et al (1990) (promoteur 35SCaMV remplacé par le promoteur double 35S et la région *polylinker* entre les sites Xba1 et EcoRI remplacée par les sites SpeI, BamHI, SmaI et PstI).

10 La région polyA CaMV du plasmide obtenu est remplacée par la région nos polyA de pED23 (Dale et al, 1991) formant le plasmide pWP266. La région promotrice double 35S CaMV est enfin remplacée par le promoteur actine du riz et l'intron issu de pCOR113 (Mc Elroy et al, 1991) formant le plasmide pWP280 (figure 10).

15 Les plantes "promoteur actine~barstar" ainsi produites sont analysées par Northern Blot pour identifier les plantes exprimant correctement l'ARNm codant pour Barstar. Les plantes ainsi produites fournissent des embryons exprimant le gène Barstar, qui serviront à la production de cals de type II selon les techniques connues : mise en culture des embryons sur milieu d'induction de la callogénèse et repiquage sur milieu sélectif contenant de l'hygromycine.

- étape b : transformation de ces cals avec le construit chimérique barnase :

25 Les cals act-barstar obtenus à l'étape précédente sont ensuite bombardés selon la technique décrite au point 5-1 par les construits 'promoteur Esr~barnase' précédemment décrits avec un plasmide conférant la résistance au Basta (pDM302, Mc Elroy et al, 1991). On sépare ensuite les deux gènes dans la descendance par ségrégation, pour voir l'effet du seul construit promoteur Esr~barnase.

30

De meilleurs résultats, notamment en ce qui concerne l'efficacité de transformation et le nombre de plantes régénérées, ont été obtenus selon

ce mode préféré, en comparaison à la technique classique qui vise à transformer directement les cals par les construits 'Esr~barnase'.

5

EXEMPLE 6 :**Mise en évidence de la fonctionnalité des séquences promotrices (cas des construits GUS)**

Afin de détecter l'activité β -glucuronidase, les grains de maïs issus de plantes transformées par le canon à particules sont récoltés à des stades précis du développement et coupés le long de l'axe longitudinal. Ils sont incubés en présence de 5-bromo-4-chloro-3-indolyl- β -D-glucuronic acid (X-GlcA, Duchefa), à 37°C pendant 24 heures (Jefferson et al., 1987).

Dans le cas de construit Esr2-Gus notamment, la coloration bleue est délimitée au contour de l'embryon au 4^{ème} et 5^{ème} jour après pollinisation, puis seulement au niveau suspenseur les 6^{ème} et 7^{ème} jours, et enfin à la base du suspenseur aux jours 9,12, 13 et 15.

Ces résultats d'expression dans les plantes transgéniques démontrent que les fragments 5' décrits dans la présente invention correspondent à des promoteurs fonctionnels et qu'ils sont suffisants pour une expression spatio-temporelle correcte, en accord avec les résultats antérieurs de Opsahl et al (1997).

L'utilisation de ces séquences nucléotidiques promotrices dans des constructions moléculaires destinées à améliorer la qualité agronomique, alimentaire ou industrielle d'une plante, est particulièrement intéressante pour modifier la taille de l'embryon ou de l'albumen et/ou son développement.

BIBLIOGRAPHIE

- Armstrong (1994). *Maize Handbook* ; Freeling M., Walbot V. Eds ; 665-671.
- 5 - Barloy, D., et coll., (1989). *Maydica*, 34, 303-308.
- Becker, H. A., et al., (1999). *Domains of gene expression in developing endosperm*. 361-375
- Breton, C., et al., (1995). *Plant. Mol. Biol.* 27, 105-113.
- Christensen et al., (1996), *Transgenic Res.*, 5 : 213.
- 10 - Clark, J. K., et Sheridan, W. F. (1986). *J. Heredity*. 77, 83-92.
- Dale et al, (1990) *Gene* 91:79-85
- Davis, R. W., et coll., (1990). *Can. J. Bot.* 68, 471-479.
- Dennis, (1884), *Nucl. Ac. Res.*, 12 : 3983-4000.
- Devic et al., (1997), *Plant Physiol. Biochem.*, 35 : 35(4) : 331-
- 15 339
- Finer J., (1992). *Plant Cell Report*, 11 : 323-328.
- Gerdes, J. T., et Tracy, W. F.(1993). *Crop Sci.* 33, 334-337.
- Guerche et al, (1987). *Mol. Gen. Genet.* 206:382
- Guerinneau et al, (1990), *Plant. Mol. Biol.* 15:127-136
- 20 - Hartley et al., (1988), *J. Mol. Biol.*, 202, 913-915.
- Heidekamp F. et al, (1983), *Nucl Acids Res* 11, 6211-6223.
- Horovitz et al, (1990), *J. Mol. Biol.* 216:1031-1044
- Hu et al., (1995), *Molecular and General Genetics*, 248:471-480
- Hueros, G., et al., (1995). *Plant Cell*, 7, 747-757.
- 25 - Ishida et al., (1996), *Nature Biotechnology*, 14 :745-750
- Jefferson et al., (1987), *Plant Molecular Biology Reporter*, 5(4) : 387-405
- Klein, (1987). *Nature*, 327 : 70-73.
- Kowles, R. V., et Phillips, R. L., (1988). *Int. Rev. Cytol.* 112, 97-
- 30 136.
- Kyle, D. J., et Styles, E. D., (1977). *Planta*. 137, 185-193
- Liang, P., et Pardee, A. B., (1992). *Science*, 257, 967-971.
- Lopes, M. A., et Larkins, B. A., (1993). *Plant Cell*, 5, 1383-1399.

- Mariani et al. (1990), *Nature* 347, 737-741.
- Mc Elroy et al, (1991) *Mol. Gen. Genet.* 231:150-160
- McElroy et al., *Plant Cell*, 2 : 163-171, 1990.
- Odell et al., (1985), *Nature* 313 : 810-812.
- 5 - Opsahl-Ferstad, H. D., et al., (1997). *The Plant J.*, 12, 235-246.
- Poole et al., (1985), *Cell*, 40 :37-43
- Sambrook et al., (1989), *Molecular Cloning – A laboratory manual ; Cold Spring Harbor Laboratory Press*
- Schel, J. H. N., et coll., (1984). *Can. J. Bot.* 62, 2842-2856.
- 10 - Scott et al, (1992), demande de brevet WO 92/11 379
- Siemering KR. et al., (1996), *Current Biology* 6, 1653-1663
- Twell D. et al., *Development* 109, 705-713, 1990
- Vain et al., (1989). *Plant Cell Tissue and Organ Culture*, 18 :
143-151.
- 15 - Xu, J., et al., (1995). *Plant Physiol.* 108, 1293-1294.
- Zhang et al, (1995). The effect of auxin on cytokinin levels and
metabolism in transgenic tobacco tissue an *ipt* gene. *Planta* 196:84-94
- Zhang et al, (1996). Expression of the isopentenyl transferase
gene is regulated by auxin in transgenic tobacco tissues, *Transgenic Res.* 5:57-
20 65.

REVENDICATIONS

5

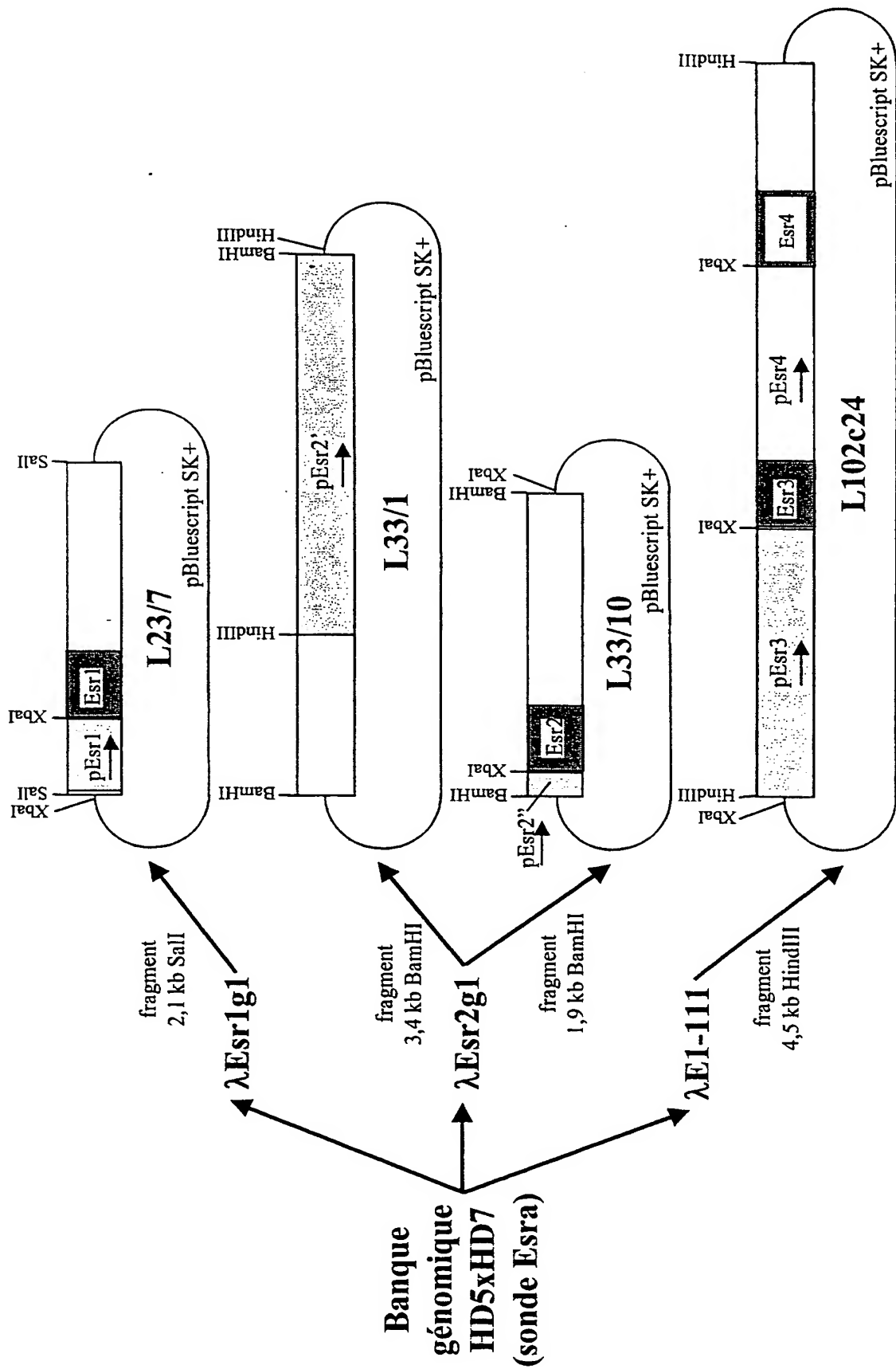
1. Séquence nucléotidique promotrice isolée permettant une expression des séquences codantes auxquelles elle est liée, ladite expression étant i) spécifique de la région de l'albumen entourant l'embryon dans les graines des Angiospermes et ii) intervenant en particulier dans les stades précoces du développement de l'albumen.
- 10 2. Séquence nucléotidique promotrice selon la revendication 1, isolée à partir de céréales, notamment de maïs.
- 15 3. Séquence nucléotidique promotrice selon l'une quelconque des revendications 1 ou 2, comprenant une séquence choisie parmi les séquences SEQ ID n°1, n°2, n°3, n°4, n°5, n°6 ou n° 7, ou toute séquence homologue de celles-ci.
- 20 4. Séquence nucléotidique promotrice selon l'une quelconque des revendications précédentes, comprenant en outre un élément régulateur en *cis* défini par le motif CTACACCA, de préférence répété en tandem.
- 25 5. Cassette d'expression comprenant une séquence nucléotidique promotrice selon l'une quelconque des revendications précédentes, liée de manière opérante à au moins un gène d'intérêt.
- 30 6. Cassette d'expression selon la revendication 5, dans laquelle le gène d'intérêt code pour une protéine choisie parmi une protéine impliquée dans le développement de l'embryon et/ou de l'albumen, la croissance cellulaire, le métabolisme des sucres ou celui des acides gras, une protéine toxique, et une protéine inhibitrice de la transcription.

7. Cassette d'expression selon l'une quelconque des revendications 5 ou 6, dans laquelle le gène d'intérêt code pour une protéine choisie parmi la barnase ou l'isopentényltransférase.
- 5 8. Vecteur d'expression contenant une cassette d'expression selon l'une quelconque des revendications 5 à 7.
9. Cellule hôte de plante Angiosperme, notamment de céréale, transformée par un vecteur selon la revendication 8.
- 10 10. Plante transgénique ou partie de plante transgénique, notamment fruit, semence, grain, pollen, générée à partir d'une cellule selon la revendication 9.
- 15 11. Plante ou partie de plante selon la revendication 10, caractérisée en ce qu'il s'agit d'une céréale ou d'une plante oléagineuse, choisie notamment parmi le maïs, le blé, le colza, le tournesol, préférentiellement le maïs.
- 20 12. Plante transgénique hybride obtenue par croisement de plantes telles que définies dans l'une quelconque des revendications 10 ou 11.
13. Procédé d'obtention d'une plante Angiosperme présentant des qualités agronomiques ou nutritionnelles améliorées, comprenant les étapes consistant à :
- 25 - transformer au moins une cellule de plante Angiosperme par un vecteur selon la revendication 8 ;
- cultiver la cellule ainsi transformée de manière à générer une plante contenant dans son génome une cassette d'expression selon l'une quelconque des revendications 5 à 7.
- 30 14. Utilisation d'une cassette d'expression telle que définie dans l'une quelconque des revendications 5 à 7, pour l'obtention de plante

Angiosperme transgénique présentant des qualités agronomiques ou nutritionnelles améliorées.

- 5 15. Utilisation selon la revendication 14, pour l'obtention d'une plante transgénique productrice de graines à teneurs en amidon ou en huile modifiées en comparaison avec une plante non transformée.
- 10 16. Utilisation de plante ou partie de plante, notamment semence, grain et fruit, telle que définie dans l'une quelconque des revendications 10 à 12, pour la préparation de produits dérivés, notamment de produits alimentaires.

1/11

**FIG. 1**

2/11

500	Pvu I
529	Pvu II
657	Sac I
684	Sac II
685	BstX I
670	Not I
677	Xba I
683	Spe I
689	BamH I
697	Sma I
705	Pst I
707	EcoR I
715	EcoR V
719	Hind III
726	Cla I
734	Sal I
740	Xho I
1024	Spe I
1272	Xba I
1278	BamH I
1285	Sma I
1375	Nru I
1859	EcoR V
1897	Mlu I
2090	EcoR V
2692	Mlu I
2810	Mlu I
3018	Nru I
3169	Sac I
3183	Pvu I
3436	EcoR I
3763	Sal I
3769	Xho I
3782	Apa I
3788	Kpn I
4008	Pvu II
5360	Nco I
5764	Pvu II

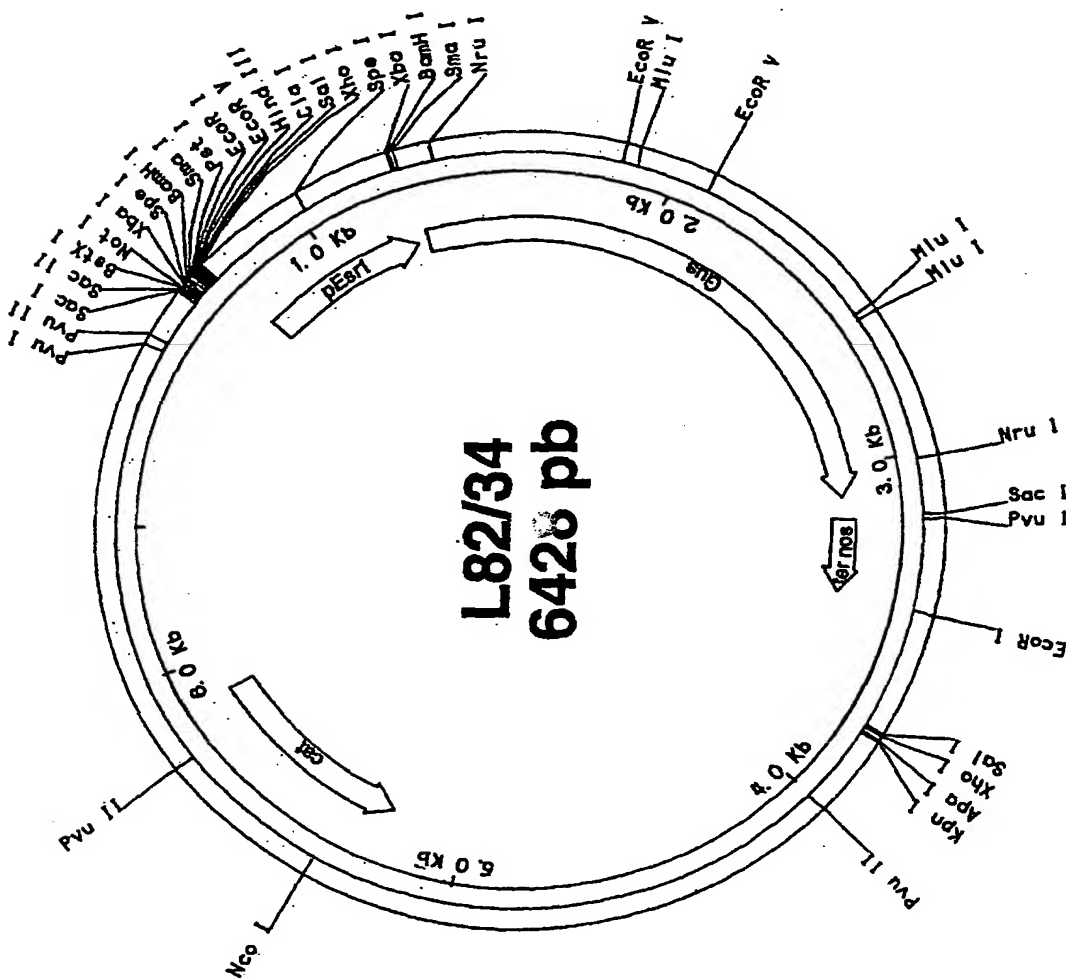


FIG.2



3/11

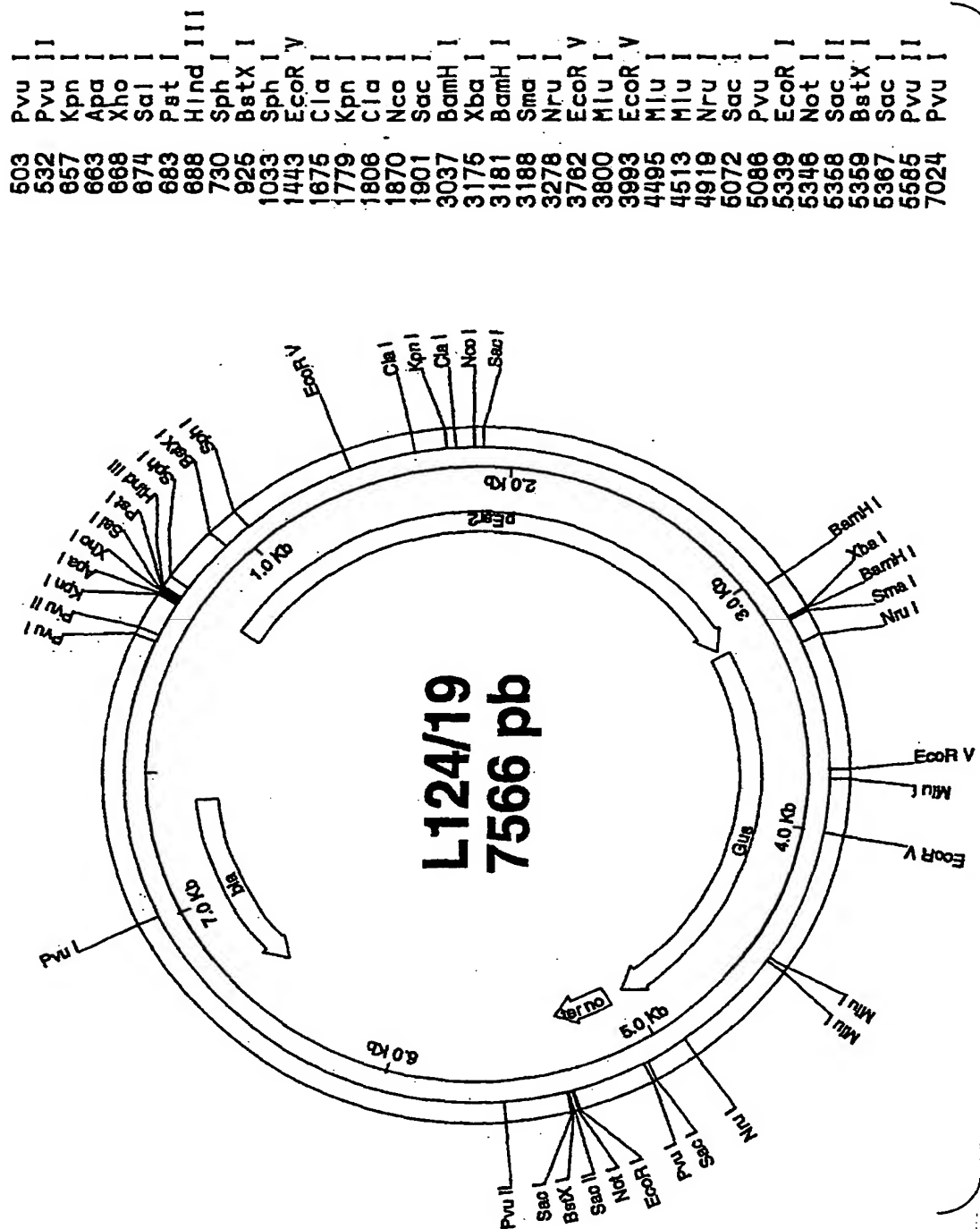


FIG.3



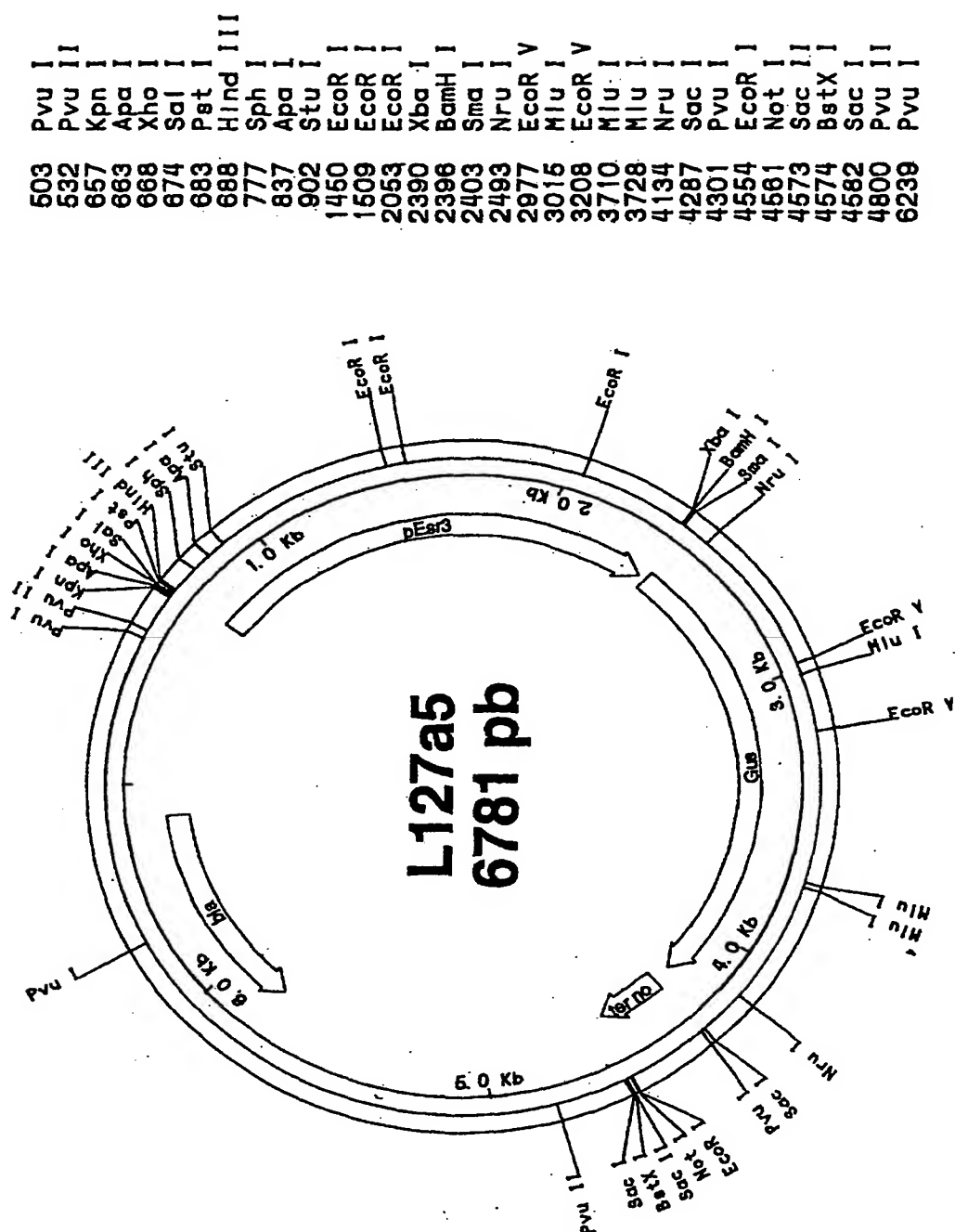


FIG. 4

5 / 11

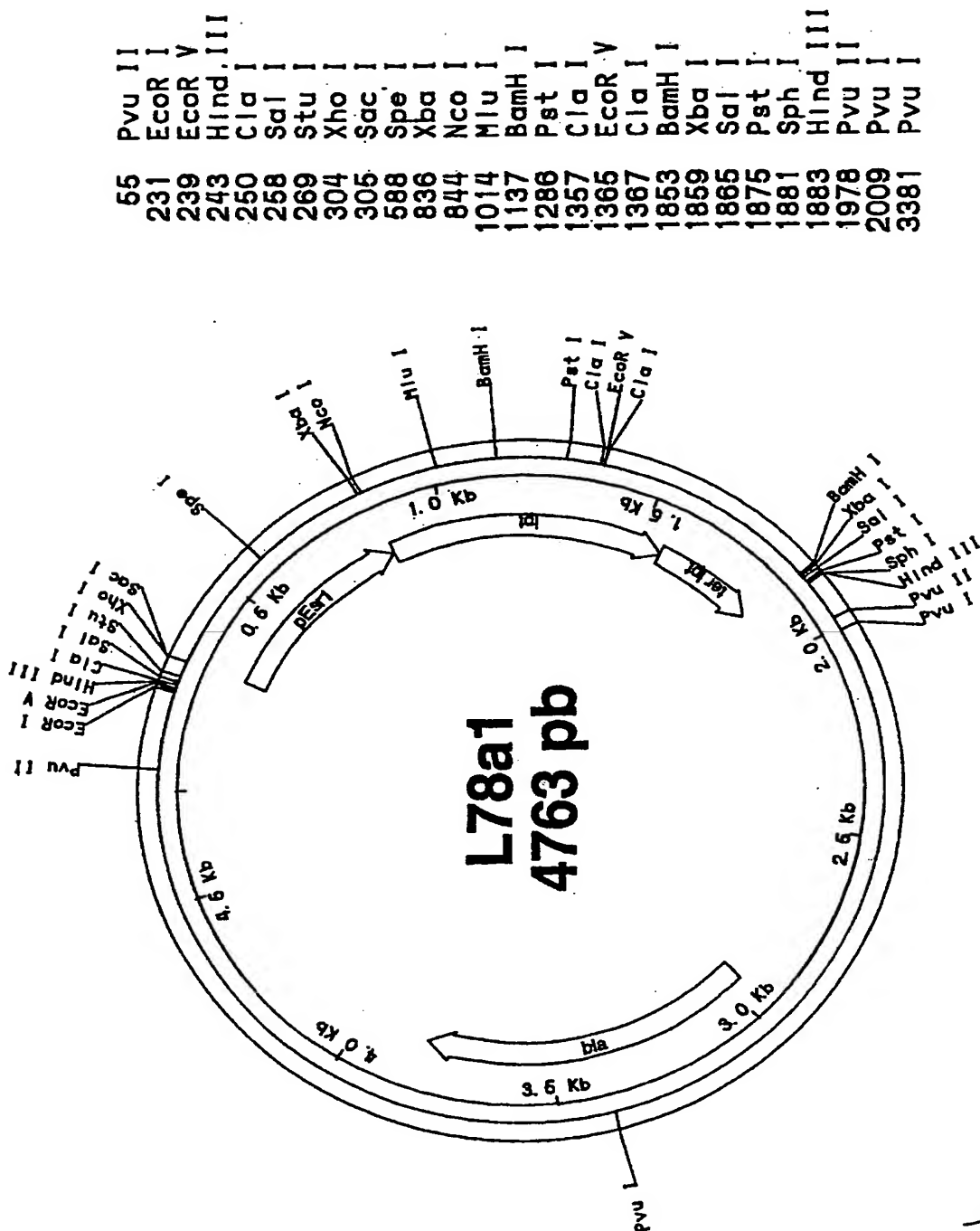


FIG. 5

6/11

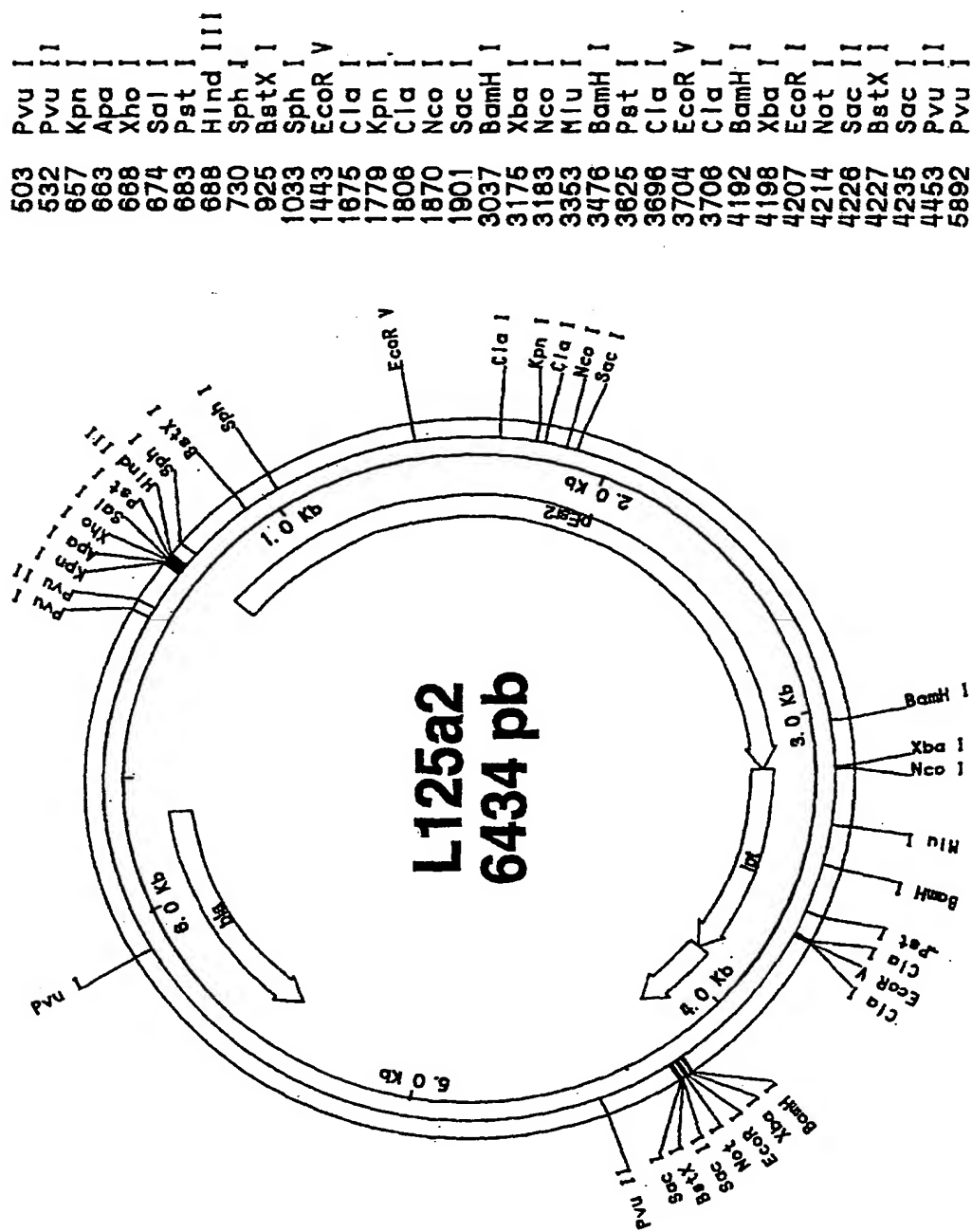
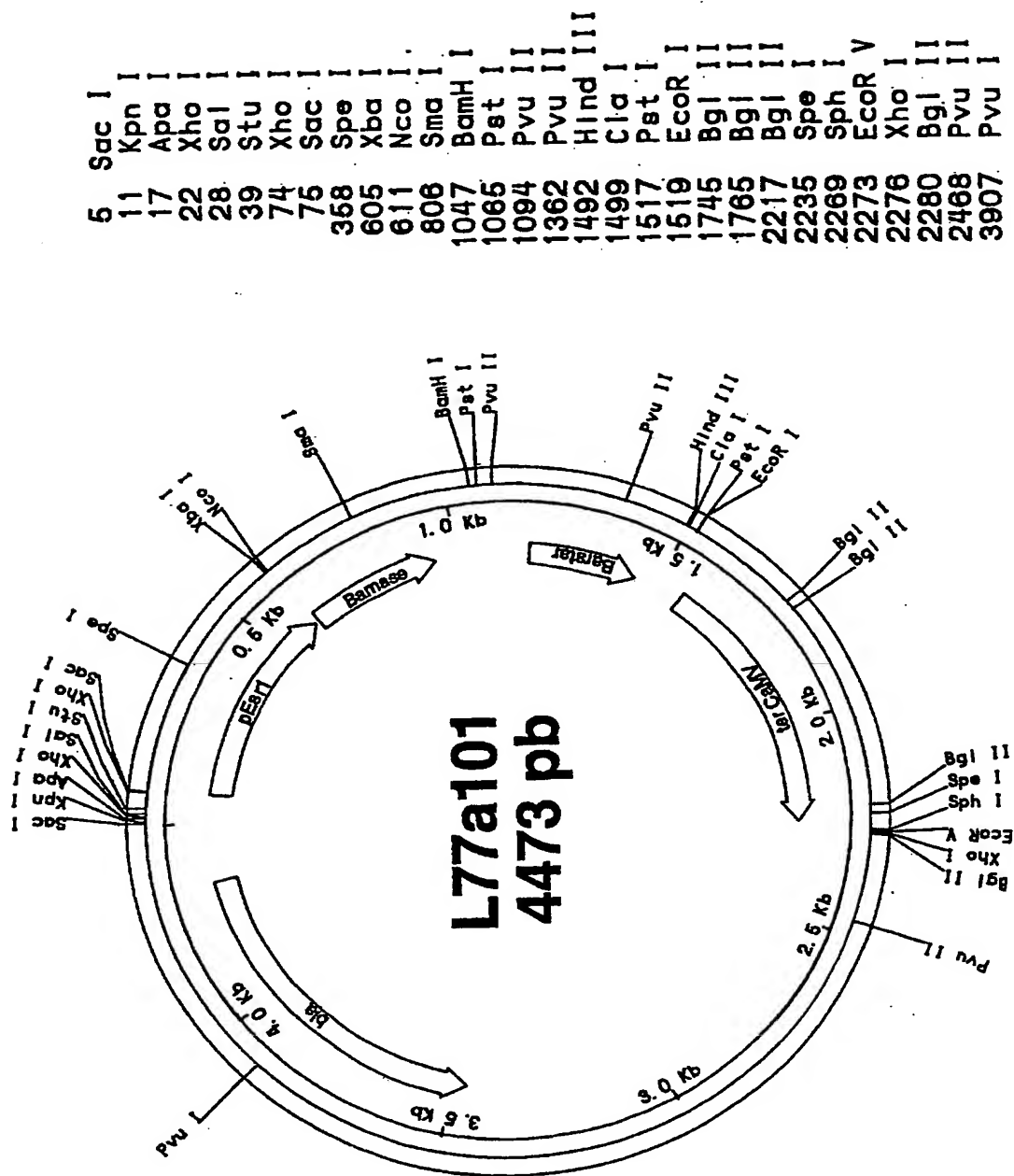


FIG.6

7/11

**FIG.7**

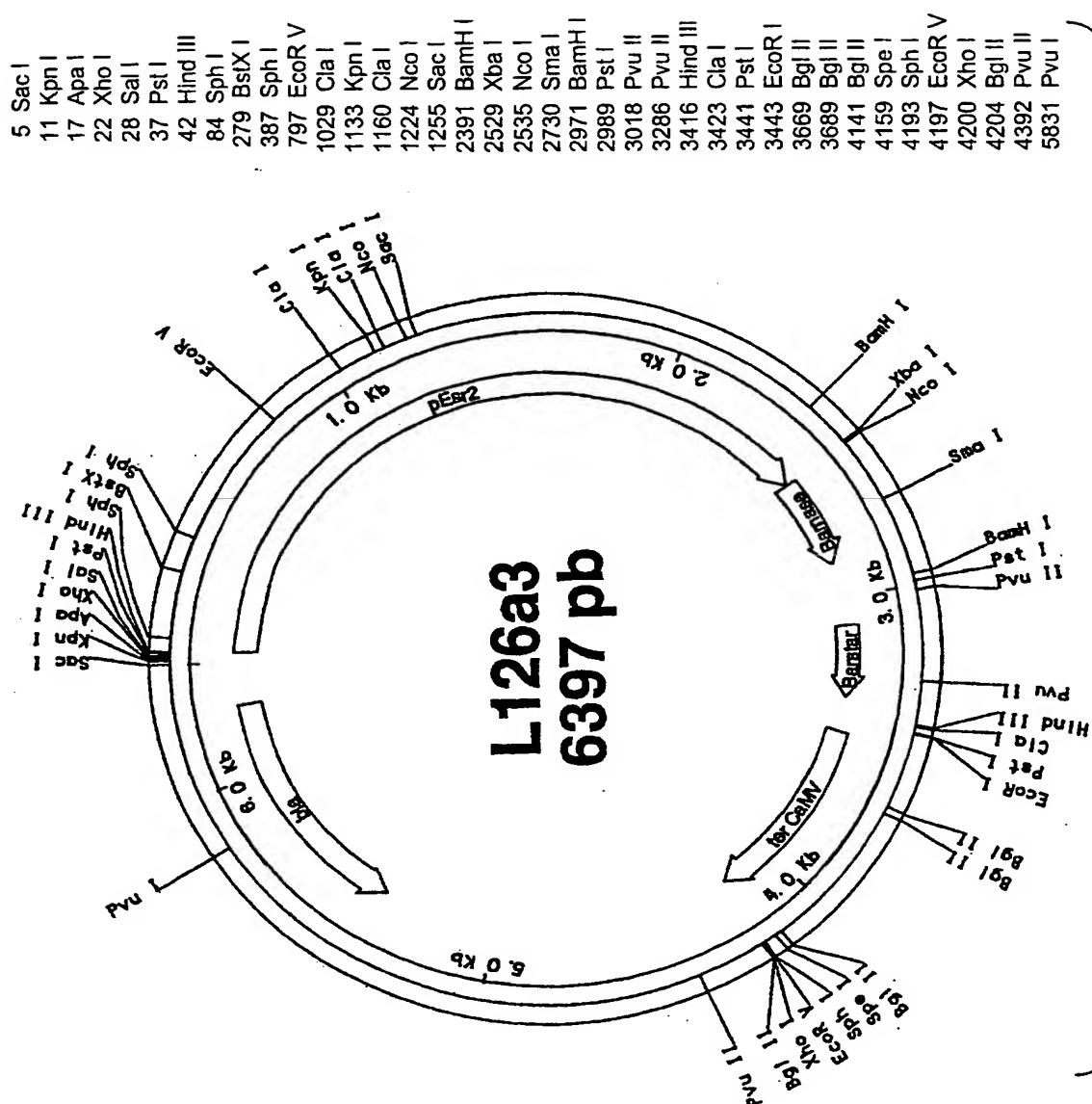


FIG. 8

9 / 11

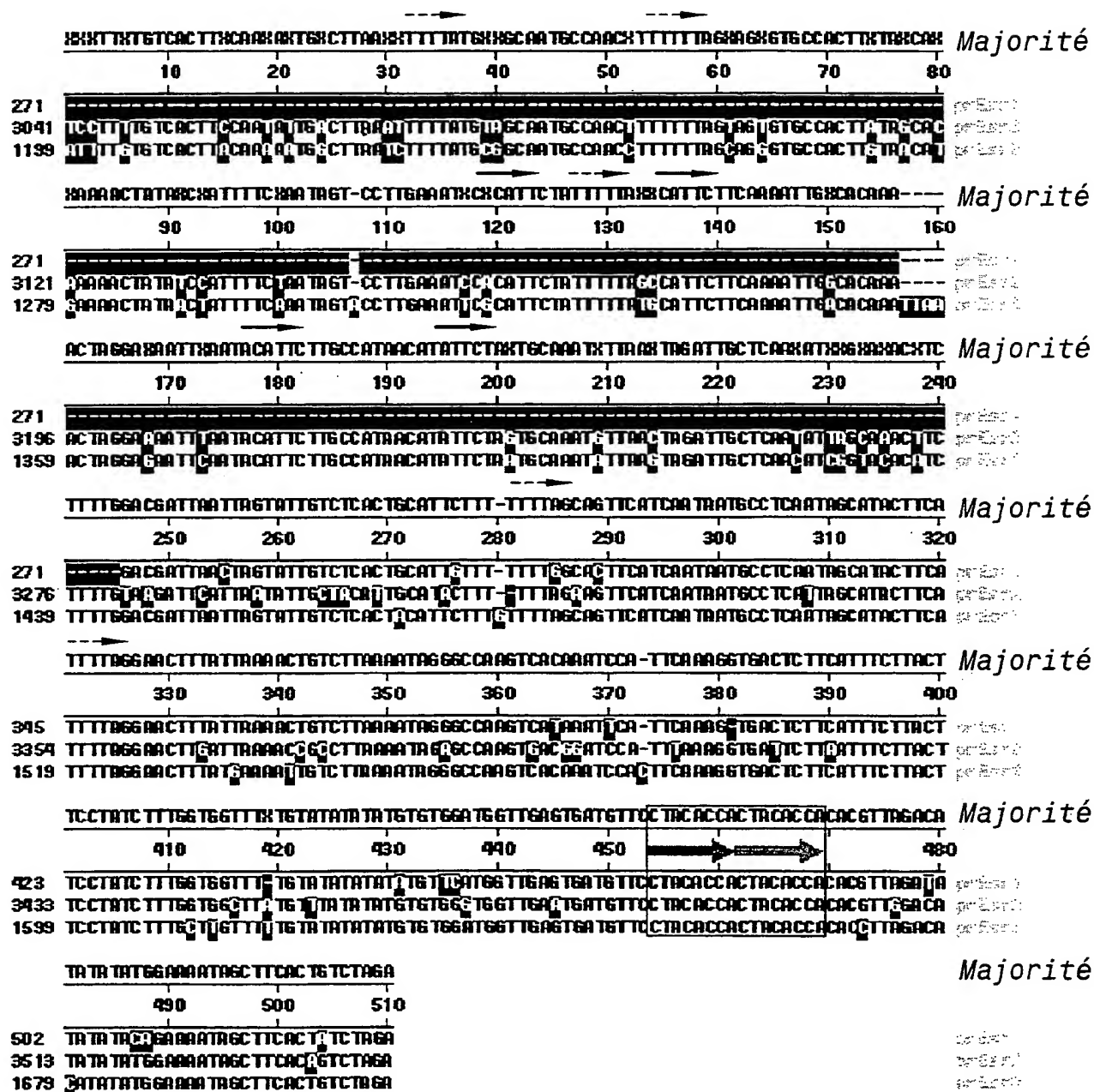
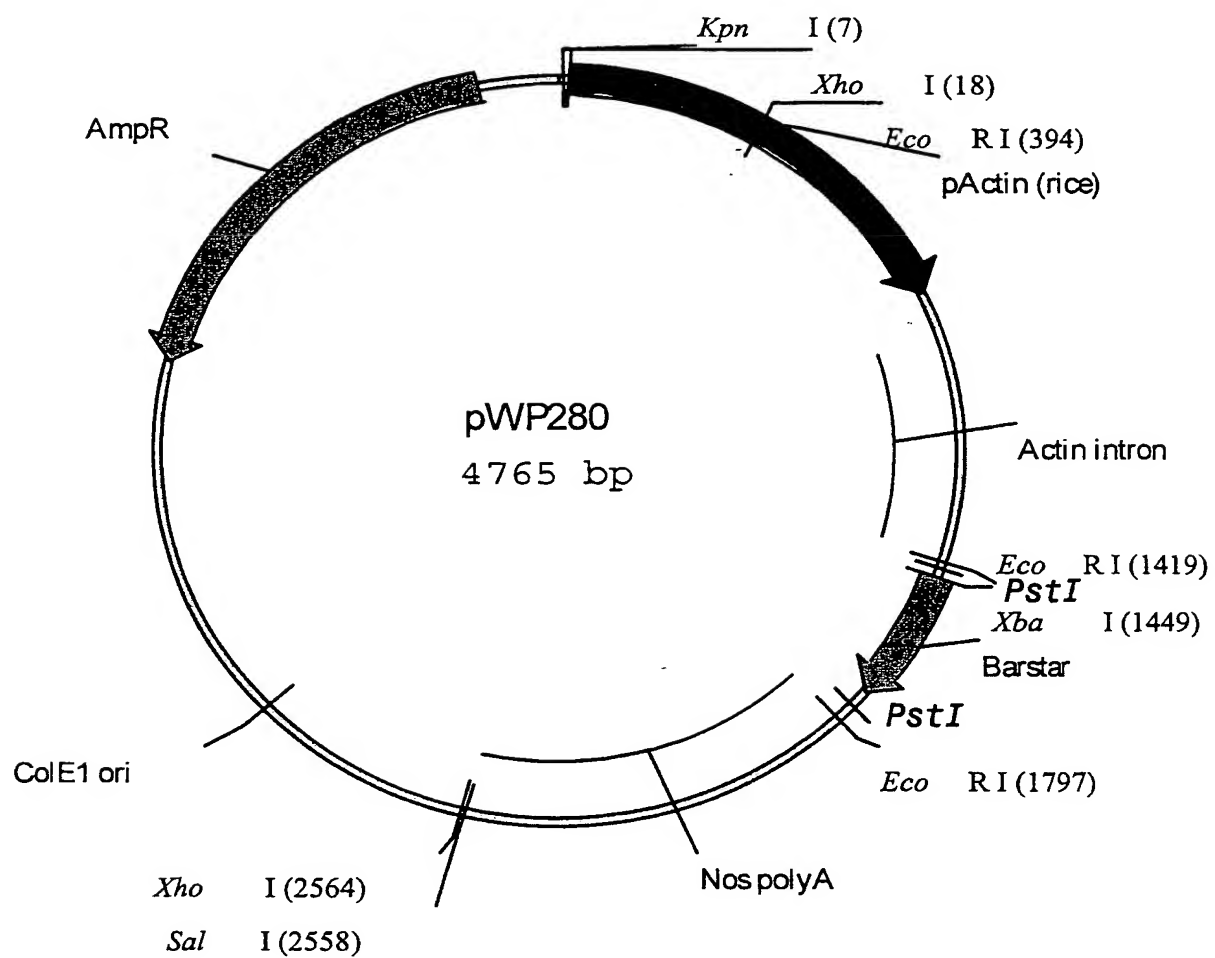


FIG.9

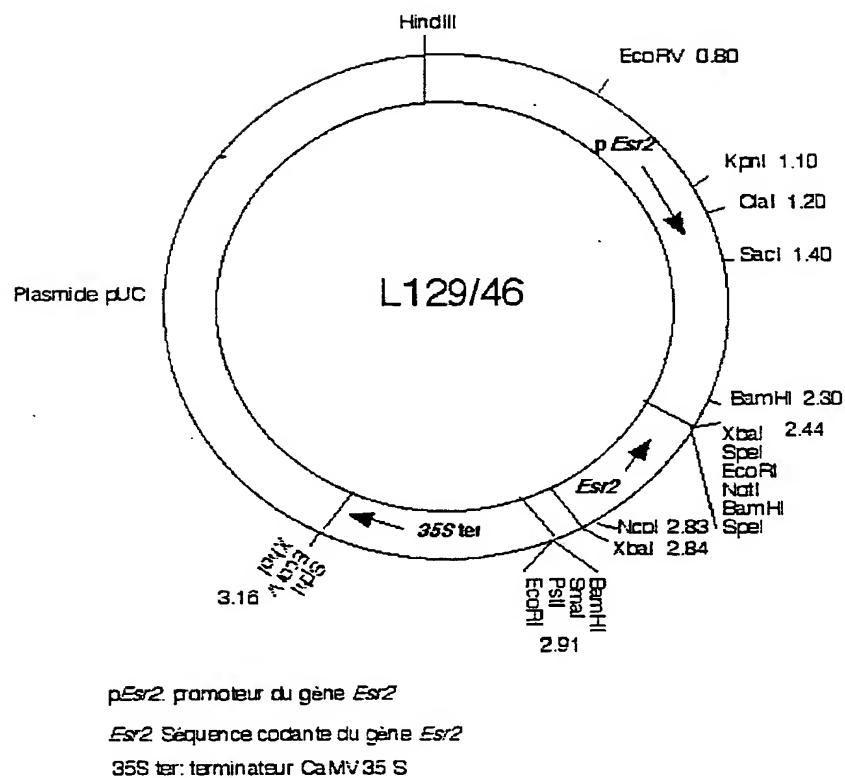
 Répétition CTACACC en tandem
 Répétition TTTTA Répétition ATTCT

10/11

**FIG.10**



11/11

**FIG.11**



LISTE DE SEQUENCES

<110> Biogemma

<120> Promoteurs spécifiques de l'albumen des graines de végétaux

<130> BFF 99/496ext

<140>

<141>

<160> 21

<170> PatentIn Ver. 2.1

<210> 1

<211> 531

<212> ADN

<213> Zea mays

<400> 1

gatcattaag	gactaagcag	tctttttccc	tttcggcttg	catcatcttt	agtcttcac	60
actattataa	gccgaagcta	ttacccttg	gctatagctt	cgggtgtcat	ctttattatc	120
ttcggactat	gtcttcacct	tgtatacctt	tgtcttgggg	gaaaaccttc	atcctgaagc	180
cgaagctccc	tgtaataatt	catatcatgc	taaaaataaa	tggtcagtc	tgtttttgag	240
gaccttcgga	agaggaaggc	ccccaacaa	gacgattaac	tagtattgtc	tcactgcatt	300
gttttttttg	cacttcatca	ataatgcctc	aatagcatac	ttcattttag	gaactttatt	360
aaaactgtct	taaaataggg	ccaagtcata	aattcattca	aagtgactct	tcattttctta	420
cttcctatct	ttggtggttt	tgtatatata	tatgttcatg	gttgagtgat	gttcctacac	480
cactacacca	cacgttagat	atatatacag	aaaatagctt	cactatctag	a	531

<210> 2

<211> 2493

<212> ADN

<213> Zea mays

<400> 2

aagcttttcc	ggtgatgaag	cacctgtaat	acttaacagc	atgctgaaaa	caaatagtta	60
gctgtgtttt	tgaggacctt	cgggaagatga	aggcccccac	cacatcccat	gcataagtc	120
cccagactt	gcaaaaaagc	aaattttatc	aaaattttct	ataaaacact	tgaaaacatt	180
tctctttttg	aaaagtgtag	agcactagca	actgtctact	aaaaagggtc	ccaaatttct	240
gggtataaca	atcgcatggt	aaataacaca	aaggaaatcc	tactaagagc	agtaatttgg	300
ctaaaacaat	agtgagcatt	ttaatgtaat	agggaatagg	agcatgcaat	acttgtgttc	360
tttcagggtt	ttgatgtcct	caaaagtgtg	ccccctggg	gcagttgcaa	cactcaaaat	420
ctactcgtat	acataaagaa	acatgggcac	aaaataagaa	acaatactca	aattatgaaa	480
aaggtttcaa	tggtcctata	attattgtag	acatttttaga	atttatttta	gacccaaacc	540
atttaaat	ggtttaaaat	gagttagata	ttaatattta	ttcagtttat	agttatttgg	600
gacattttat	tacttaacta	taacttctag	ggttttaaaa	gtaaattttg	ggtccctagt	660
tggaactagc	tcagattgct	ggttgatttc	cataaaagtc	gaggttcctt	tagcaaaaat	720
ccacggtgaa	caagggggag	ataggtgttg	accgatatct	ctaaattttg	atcgttggac	780
ggcacatgga	tgtctcagat	taaatggtgg	atgtgcaagc	gacgcgcaca	cgatggagga	840
atggcttcac	gacggtgggc	tactagagct	ggctacgtca	accaatggag	ggctcgggtca	900
agggtcaaat	ttggtgcaa	gccactgtgg	ctcacgatga	gtcagattgag	cacatatcaa	960
ggtcgagggt	caaccagagg	ggcaagatcg	atggtgcagt	ggtgttctcg	atggaagggg	1020
aaacttcggt	gagcaattca	agatttccta	tcatgtgacc	gggtcaggga	atgggcgcac	1080
gggggttggt	accttctggt	gcacatcatg	ttgctgtatc	gatgtcaagg	gagcatttag	1140
gttcacgagt	cagcgatgac	gggcatggtg	ggacttgtgt	caccatggtt	cgatcaacta	1200



gggacgatag	agctctatga	agtttcacaa	cttcctcaca	ctctagggat	catgggtgaca	1260
aaggtgggga	ggacggggcg	tctctagtga	gggtggaatg	cagttctgtc	acgtgggaat	1320
agtggcgga	tcgcttgtaa	tgaataaaaag	gtgcttggtg	ggctgggaag	tgcaatatga	1380
gggaagtagt	tgggtcgggg	atgttccttt	tataagggag	caccattgat	taatggaaga	1440
caatgacaca	aagggtgggtg	cgacagttta	aagctcgaat	gctgctaggg	gtgctcaagg	1500
ttaaaagatc	aggcatcagg	gaggaaaggc	agggataaaa	tttctttact	ccagttgtgg	1560
ggtgatgggg	acaagggtag	tgctcaagca	agggaggcg	agttcagcgc	agagatgcct	1620
gttgtagacac	atgggggggg	gggaattgga	ggttgggggt	gaccaggtga	cgttatggcg	1680
tgaccagag	aagagaccca	ctgatgggga	aaaaagggtc	caacaggtgg	ggaccaaggt	1740
gtcagtgact	caccgtgaca	tgttattgga	aagttacgtc	cggaatgggt	tgggcctgag	1800
tgatctaggc	tggctcgggc	actgtgetga	tcttttaatt	tctccattcc	caatttaagt	1860
tgaattttta	attcaaatac	aatgactcca	aatctctcca	aaattaccaa	aatatagaat	1920
atntagatga	atatgttggg	ggagtttggg	ctccgctttt	ggtagtatg	ttgtataaaa	1980
aataattttct	ctccttttgg	cacttccaat	attgacttaa	atttttatgt	agcaatgcca	2040
actttttttta	gtagtgtgcc	acttatagca	caaaaactat	atccattttc	taatagtcct	2100
tgaatccac	attctatttt	tagccattct	tcaaaattgg	cacaaaacta	ggaaaattta	2160
atacattctt	gccataacat	attctagtgc	aaatgttaac	tagattgtct	aatattagca	2220
aacttctttt	gtaagattca	ttaatatgtc	tacattgcat	acttttttag	aagttcatca	2280
ataatgcctc	attagcatac	ttcatttttag	gaacttgatt	aaaaccgcct	taaaatagag	2340
ccaagtgacg	gatccattta	aaggtgattc	ttaatttctt	acttcctatc	tttggtggct	2400
tatgtttata	tatgtgtggg	tggttgaatg	atgttcctac	accactacac	cacacgttgg	2460
acatatatat	ggaaaatagc	ttcacagtct	aga			2493

<210> 3

<211> 1708

<212> ADN

<213> Zea mays

<400> 3

aagcttagaa	attttaaaaa	aagccaggca	agcgttggtg	tgcaaagagc	taaaaattag	60
gaagacaaga	gaacacggca	agaaagcatg	ctaaatgtgc	tcgcggtgcg	ttcttattta	120
tacgctcaat	acgttgcaag	tggtagggcc	ccacttggtc	ttgactattg	ctattctagc	180
aaagggaagg	tgtttttcgg	accttcggct	taaggccttc	gtccatatcg	caatctgaat	240
ttatcattct	aacaaattaa	tattgtgagg	ggctactgtt	gggggccttc	gacttccgaa	300
ggctctcaaa	aactggttta	acagtgtttc	tgaggtataa	tgcataaaca	ggtatcttcg	360
ggtttgatc	agaactacaa	catgaagagg	cacaaagaac	acgaagggtg	gcgcagagcc	420
gaagctcacg	tgtaggagag	cttcggcacg	acagcagaaa	aagggaaccg	acttaaaagg	480
aaaggctatt	cagacctcga	tggattttct	taggtcatta	gcaaagttaa	agggcatgaa	540
tgtaatttta	catgggctgt	gtccttgcc	ataaatagat	gaacagtact	ctcgtactgt	600
tcacgctgac	ttggcattcg	ctttttgc	cacgcttgta	cccttgcttt	ccttcaaacc	660
gaaggtagat	ctataatttg	ttattgtggt	attgtggata	tggtaatgca	aataaaaaata	720
agttgatgat	aatgtttata	ttatttttcg	tatttcatat	atgaattctt	cctcatcatt	780
tattgtgctt	acgaagggtt	ttccttcaaa	atctttgtcc	ggaattcatt	atatccgaag	840
ggaaataatg	tctcgaagga	cgaaggactt	tgatatttaa	cacttttcat	gttgccctgt	900
tcttgactct	tagcatttga	gaacaagtcc	ccaacagctc	ctaagctctt	ctttgaagaa	960
acaactacta	gatgaagtgt	ctccaaaagt	acgtccattg	aatggagtaa	agagtcattt	1020
gacctctcgg	aataaaaatta	aatgagaat	aagtaagaat	aaaacacctc	tattatcaaa	1080
tctaggccat	acaaacattg	ggtattacta	aaaaatagct	aatgccatct	ttcaacattt	1140
ggaagttaaa	accaaccaat	cctcactcat	tcccaagaaa	tattggatca	tattttaacat	1200
tttggtgtcac	ttacaaaaat	ggcttaattct	ttatgcggc	aatgccaaacc	tttttttagca	1260
gggtgcacct	tgtaacatga	aaactataac	tattttcaaa	tagtaccttg	aaattcgcat	1320
tctattttta	tgcatctctc	aaaattgaca	caaattaaac	taggagaatt	caatacatct	1380
ttgccataac	atatttcta	gcaaataatta	agtagattgc	tcaacatcgg	tacacatctt	1440
ttggacgatt	aattagtatt	gtctcactac	attctttgtt	ttagcagttc	atcaataatg	1500
cctcaatagc	atacttcatt	ttaggaactt	tatgaaaatt	gtcttaaaat	agggccaagt	1560
cacaaatcca	cttcaaagg	gactcttcat	ttcttacttc	ctatctttgc	ttgtttttgt	1620
atatatatgt	gtggatggtt	gagtgatgtt	cctacaccac	tacaccacac	cttagacaca	1680
tatatggaaa	atagcttcac	tgtctaga				1708



<210> 4
<211> 1232
<212> ADN
<213> Zea mays

<400> 4
tagttcatgc aaaagtagtg agtgtttata cacctatgcc aatgaataac ctctaactac 60
cctcatgtac tggcctgggtg tttggtaaac atgaagcaat aatttcctct tatcaaaata 120
cgggtctcaa gctgcatgtg aaaaaataata aatatttttt tgaagtgaat gaaaaatgat 180
aaatatgaaa cagtaaactct ttccgttgaa aaagtacatc tctattatta acgataacct 240
atatatcaat ctacaatgcg ctcatctgca tctcgatgca tactttcatc attttatgaa 300
tgtactttta tgataagaag gattagaatg ttcttggttt cctcttattc ttaccttttt 360
caaaattatc agtttccaat gtctgaatat gcaatgcatt ataaacccta gtcagcatat 420
atcaagtcga tatataatgc tatatgttta agaactgggtg ctgagtatgt ctactcaaca 480
tatttttttag ctattggatc gagcagttta gtaaaggtaa actacattta tctatcttca 540
agttgtattt tcccaccctt aaattatgaa agggagtaac gctccactcc aactggtgaa 600
agggaaacaaa tttgggtctcc ggactgattt cattgggtggg tctctatttt ttaaaacaac 660
aaaaaacat atttgttctc tgaaaattga taattaatta atcataaatt aggaaaaaaa 720
ctatatgaaa ctagttatag ttttcttcta aaattattgt ctgtctgttg gtgctctagt 780
tatagagtta taacatgaaa actatagcca ttttcaaata gtgccttgaa attcattttt 840
gttttagccat tcttcaaaat tgccacaaa ccaggagaat ttattaataa attcacgcca 900
taacatattc tagtccaaat gttaagtggg ttgctcaata tcattatact tcttttggac 960
gattcattag tactgccttg ttgcatactt tgttttagca gttcatcaat aatgcttcac 1020
tagcataatt catgttagga acttgattaa aactgcctta agaacatggc aaagtgataa 1080
atccacttca aaggcaatta ttaatttctt acttcctatc tttgggtgggt tttgtatata 1140
tgtgtgtggg tgggtgagtg atgcacacat tttcctacac cactacatca caccttggac 1200
atatatgtga aaaaatagct tcgcagtcta ga 1232

<210> 5
<211> 499
<212> ADN
<213> Zea mays

<400> 5
ttttgtcact tccaatattg acttaaattt ttatgtagca atgccaaactt tttttagtag 60
tgtgccactt atagcacaaa aactatatcc attttctaata agtccttgaa atccacattc 120
tatttttagc cattcttcaa aattggcaca aaactaggaa aatttaatac attcttgcca 180
taacatattc tagtgcaaat gttactaga ttgctcaata ttagcaaaact tcttttgtaa 240
gattcattaa tattgtcaca ttgcatactt ttttagaagt tcatcaataa tgcctcatta 300
gcatacttca ttttaggaac ttgattaaaa ccgccttaaa atagagccaa gtgacggatc 360
catttaaagg tgattcttaa tttcttactt cctatctttg gtggcttatg tttatatatg 420
tgtgggtggg tgaatgatgt tcctacacca ctacaccaca cgttggacat atatatggaa 480
aatagcttca cagtctaga 499

<210> 6
<211> 507
<212> ADN
<213> Zea mays

<400> 6
ttgtgtcact tacaaaaatg gcttaatctt ttatgcgcca atgccaaactt tttttagcag 60
gggtgccactt gtaacatgaa aactataact attttcaaata agtaccttga aattcgcat 120
ctatttttat gcattcttca aaattgacac aaattaaaact aggagaattc aatacattct 180
tgccataaca tattctaata caaatattaa gtagattgct caacatcggt acacatcttt 240
tggacgatta attagtattg tctcactaca ttctttgttt tagcagttca tcaataatgc 300



```

ctcaatagca tacttcattt taggaacttt atgaaaattg tcttaaaata gggccaagtc 360
acaaatccac ttcaaagggtg actcttcatt tcttacttcc tatctttgct tggttttgta 420
tatatatgtg tggatgggtg agtgatgttc ctacaccact acaccacacc ttagacacat 480
atatggaaaa tagcttcact gtctaga 507

```

<210> 7
 <211> 265
 <212> ADN
 <213> Zea mays

```

<400> 7
namgattmay tartattgyy wcaytcatw sntnttttr gmasttcatc aataatgcct 60
cawtagcata cttcatttta ggaacttkat kaaaayygyt ttaaaatagr gccaagtsay 120
rratycantt yaaagntgay tcttmatttc ttacttccta tctttgstkg yttwngtwta 180
tatatrtgk srtgggtgar tgatgttcc acaccactac accacacstt rgayayatat 240
ayrgaaaata gcttcacwrt ctaga 265

```

<210> 8
 <211> 28
 <212> ADN
 <213> Séquence artificielle

<220>
 <223> Description de la séquence
 artificielle:oligonucléotide

```

<400> 8
ggggtctaga ctgtgaagct attttcca 28

```

<210> 9
 <211> 30
 <212> ADN
 <213> Séquence artificielle

<220>
 <223> Description de la séquence
 artificielle:oligonucléotide

```

<400> 9
ggggaagctt tacattcttg ccataacata 30

```

<210> 10
 <211> 30
 <212> ADN
 <213> Séquence artificielle

<220>
 <223> Description de la séquence
 artificielle:oligonucléotide

```

<400> 10
ggggaagctt ttcacata atgcctcatt 30

```

<210> 11



<211> 30
<212> ADN
<213> Séquence artificielle

<220>
<223> Description de la séquence
artificielle:oligonucléotide

<400> 11
ggggaagctt taatttctta cttcctatct

30

<210> 12
<211> 27
<212> ADN
<213> Séquence artificielle

<220>
<223> Description de la séquence
artificielle:oligonucléotide

<400> 12
ggccagtcga caaagcggcc gcatgca

27

<210> 13
<211> 19
<212> ADN
<213> Séquence artificielle

<220>
<223> Description de la séquence
artificielle:oligonucléotide

<400> 13
tcagctgttt cgccggcgt

19

<210> 14
<211> 14
<212> ADN
<213> Séquence artificielle

<220>
<223> Description de la séquence
artificielle:oligonucléotide

<400> 14
tcgactgcag ccca

14

<210> 15
<211> 14
<212> ADN
<213> Séquence artificielle

<220>
<223> Description de la séquence
artificielle:oligonucléotide



<400> 15
gacgtcgggt tcga

14

<210> 16
<211> 16
<212> ADN
<213> Séquence artificielle

<220>
<223> Description de la séquence
artificielle:oligonucléotide

<400> 16
ctagaccgga attcgc

16

<210> 17
<211> 16
<212> ADN
<213> Séquence artificielle

<220>
<223> Description de la séquence
artificielle:oligonucléotide

<400> 17
tgggcttaag cgccgg

16

<210> 18
<211> 15
<212> ADN
<213> Séquence artificielle

<220>
<223> Description de la séquence
artificielle:oligonucléotide

<400> 18
gatccactag tcccg

15

<210> 19
<211> 15
<212> ADN
<213> Séquence artificielle

<220>
<223> Description de la séquence
artificielle:oligonucléotide

<400> 19
aattcgggac tagtg

15

<210> 20
<211> 17



<212> ADN

<213> Séquence artificielle

<220>

<223> Description de la séquence
artificielle:oligonucléotide

<400> 20

aagctttttg cggccgc

17

<210> 21

<211> 25

<212> ADN

<213> Séquence artificielle

<220>

<223> Description de la séquence
artificielle:oligonucléotide

<400> 21

tcgagcggcc gcaaaaagct tagct

25



INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Internat. Application No

PCT/ER 00/02596

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

IPC 7 C12N15/29 C12N15/82 A01H5/00

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

B. FIELDS SEARCHED

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)

IPC 7 C12N A01H

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)

WPI Data, BIOSIS, EPO-Internal, EMBL

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	OPSAHL-FERSTAD, H.-G., ET AL.: "ZmEsr, a novel endosperm-specific gene expressed in a restricted region around the maize embryo." THE PLANT JOURNAL, vol. 12, no. 1, 1997, pages 235-246, XP002140059	1,2
Y	the whole document & DATABASE EMBL 'Online! ACCESSION NO:X98497, 20 August 1997 (1997-08-20) & DATABASE EMBL 'Online! ACCESSION NO:X98499, 20 August 1997 (1997-08-20) & DATABASE EMBL 'Online! ACCESSION NO:X99968, 20 August 1997 (1997-08-20) & DATABASE EMBL 'Online! ACCESSION NO:X99969, -/-	3-16



Further documents are listed in the continuation of box C.



Patent family members are listed in annex.

* Special categories of cited documents:

- *A* document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance
- *E* earlier document but published on or after the international filing date
- *L* document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)
- *O* document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means
- *P* document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

- *T* later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention
- *X* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone
- *Y* document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.
- *&* document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search

12 January 2001

Date of mailing of the international search report

25/01/2001

Name and mailing address of the ISA

European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax: (+31-70) 340-3016

Authorized officer

Maddox, A

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Internat'l Application No

PCT/FR 00/02596

C.(Continuation) DOCUMENTS C...ERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
Y	20 August 1997 (1997-08-20) & DATABASE EMBL 'Online! ACCESSION NO:X99970, 20 August 1997 (1997-08-20) --- WO 98 10062 A (MONSANTO CO) 12 March 1998 (1998-03-12) the whole document	3-16
P,X	BONELLO, J.-F., ET AL.: "Esr genes show different levels of expression in the same region of maize endosperm" GENE, vol. 246, 2000, pages 219-227, XP002140061 the whole document -& DATABASE EMBL 'Online! ACCESSION NO:AJ251318, 26 April 2000 (2000-04-26) ROGOWSKY, P.M.: "Zea mays Esr1 gene, 5' flanking region" XP002157139 -& DATABASE EMBL 'Online! ACCESSION NO:AJ251319, 26 April 2000 (2000-04-26) ROGOWSKY, P.M.: "Zea mays Esr3 gene, 5' flanking region" XP002157140 -& DATABASE EMBL 'Online! ACCESSION NO:AJ251320, 26 April 2000 (2000-04-26) ROGOWSKY, P.M.: "Zea mays Esr2 gene, 5' flanking region" XP002157141	1-16
A	WO 98 08961 A (DOAN DANNY N P ;OLSEN ODD ARNE (NO); LINNESTAD CASPER (NO)) 5 March 1998 (1998-03-05) the whole document	1-16
A	WO 99 40209 A (PIONEER HI BRED INT) 12 August 1999 (1999-08-12) the whole document	1-16
A	BEATTY, M.K., ET AL.: "Zea mays SU1 isoamylase (sugary1) gene, complete cds" EMBL ACCESSION NO:AF030882, 17 November 1997 (1997-11-17), XP002140060 the whole document	1-16
A	WO 93 09237 A (SANDOZ AG ;SANDOZ AG (DE); SANDOZ LTD (CH)) 13 May 1993 (1993-05-13) page 5, paragraph 3 -page 6, paragraph 1; examples 12,13 page 15, line 3 -page 17 --- -/--	1-16

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Internat. I Application No

PCT/FR 00/02596

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	WO 97 28247 A (BIOCEM ;LUDEVID DOLORES (ES); TORRENT MARGARITA (ES); ALVAREZ INAK) 7 August 1997 (1997-08-07) the whole document	1-16
A	WO 98 26064 A (DEKALB GENETICS CORP) 18 June 1998 (1998-06-18) the whole document	1-16
A	EP 0 412 006 A (PLANT GENETIC SYSTEMS NV) 6 February 1991 (1991-02-06) page 5, line 21 - line 39 page 7, line 21 - line 31	1-16
A	WO 91 09957 A (DU PONT) 11 July 1991 (1991-07-11) example 12	1-16
A	CZAKO M ET AL: "DIFFERENTIAL MANIFESTATION OF SEED MORTALITY INDUCED BY SEED-SPECIFIC EXPRESSION OF THE GENE FOR DIPHThERIA TOXIN A CHAIN IN ARABIDOPSIS AND TOBACCO" MOLECULAR AND GENERAL GENETICS,DE,SPRINGER VERLAG, BERLIN, vol. 235, 1 January 1992 (1992-01-01), pages 33-40, XP002038059 ISSN: 0026-8925 the whole document	1-16
A	DATABASE BIOSIS 'Online! BIOSCIENCES INFORMATION SERVICE, PHILADELPHIA, PA, US; 1998 MA QING-HU ET AL: "Seed-specific expression of the isopentenyl transferase gene (ipt) in transgenic tobacco." Database accession no. PREV199800228383 XP002140062 abstract & AUSTRALIAN JOURNAL OF PLANT PHYSIOLOGY 1998, vol. 25, no. 1, 1998, pages 53-59, ISSN: 0310-7841	1-16

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Information on patent family members

International Application No

PCT/FR 00/02596

Patent document cited in search report		Publication date	Patent family member(s)	Publication date
WO 9810062	A	12-03-1998	AU 4173497 A	26-03-1998
WO 9808961	A	05-03-1998	AU 3781897 A	19-03-1998
WO 9940209	A	12-08-1999	AU 2487699 A	23-08-1999
			EP 1053338 A	22-11-2000
WO 9309237	A	13-05-1993	AU 670417 B	18-07-1996
			AU 2920392 A	07-06-1993
			EP 0611395 A	24-08-1994
			HU 66207 A	28-10-1994
			JP 7500965 T	02-02-1995
			ZA 9208538 A	05-05-1994
WO 9728247	A	07-08-1997	FR 2744134 A	01-08-1997
			AU 1550297 A	22-08-1997
			CA 2242903 A	07-08-1997
			EP 0877754 A	18-11-1998
WO 9826064	A	18-06-1998	AU 5795898 A	03-07-1998
			EP 0942971 A	22-09-1999
			HU 0000281 A	28-06-2000
			ZA 9710988 A	08-06-1999
EP 0412006	A	06-02-1991	AT 197816 T	15-12-2000
			AU 6273390 A	11-03-1991
			CA 2038933 A	05-02-1991
			DE 69033667 D	04-01-2001
			WO 9102068 A	21-02-1991
			IE 902830 A	27-02-1991
			IL 95267 A	15-06-1998
			PT 94905 A	22-05-1991
			US 5633441 A	27-05-1997
			US 5767374 A	16-06-1998
			ZA 9006179 A	29-05-1991
WO 9109957	A	11-07-1991	AU 639059 B	15-07-1993
			AU 6974791 A	24-07-1991
			CA 2071943 A	23-06-1991
			DE 69033142 D	08-07-1999
			DE 69033142 T	23-12-1999
			EP 0506763 A	07-10-1992
			ES 2134767 T	16-10-1999
			IL 96768 A	10-06-1997
			US 5658772 A	19-08-1997

RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

Demande internationale No

PCT/FR 00/02596

A. CLASSEMENT DE L'OBJET DE LA DEMANDE
CIB 7 C12N15/29 C12N15/82 A01H5/00

Selon la classification internationale des brevets (CIB) ou à la fois selon la classification nationale et la CIB

B. DOMAINES SUR LESQUELS LA RECHERCHE A PORTE

Documentation minimale consultée (système de classification suivi des symboles de classement)
CIB 7 C12N A01H

Documentation consultée autre que la documentation minimale dans la mesure où ces documents relèvent des domaines sur lesquels a porté la recherche

Base de données électronique consultée au cours de la recherche internationale (nom de la base de données, et si réalisable, termes de recherche utilisés)
WPI Data, BIOSIS, EPO-Internal, EMBL

C. DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS

Catégorie *	Identification des documents cités, avec, le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
X	OPSAHL-FERSTAD, H.-G., ET AL.: "ZmEsr, a novel endosperm-specific gene expressed in a restricted region around the maize embryo." THE PLANT JOURNAL, vol. 12, no. 1, 1997, pages 235-246, XP002140059	1,2
Y	le document en entier & DATABASE EMBL 'en ligne! ACCESSION NO:X98497, 20 août 1997 (1997-08-20) & DATABASE EMBL 'en ligne! ACCESSION NO:X98499, 20 août 1997 (1997-08-20) & DATABASE EMBL 'en ligne! ACCESSION NO:X99968, 20 août 1997 (1997-08-20) & DATABASE EMBL 'en ligne! ACCESSION NO:X99969, -/--	3-16

☒ Voir la suite du cadre C pour la fin de la liste des documents

☒ Les documents de familles de brevets sont indiqués en annexe

* Catégories spéciales de documents cités:

- *A* document définissant l'état général de la technique, non considéré comme particulièrement pertinent
- *E* document antérieur, mais publié à la date de dépôt international ou après cette date
- *L* document pouvant jeter un doute sur une revendication de priorité ou cité pour déterminer la date de publication d'une autre citation ou pour une raison spéciale (telle qu'indiquée)
- *O* document se référant à une divulgation orale, à un usage, à une exposition ou tous autres moyens
- *P* document publié avant la date de dépôt international, mais postérieurement à la date de priorité revendiquée

- *T* document ultérieur publié après la date de dépôt international ou la date de priorité et n'appartenant pas à l'état de la technique pertinent, mais cité pour comprendre le principe ou la théorie constituant la base de l'invention
- *X* document particulièrement pertinent; l'invention revendiquée ne peut être considérée comme nouvelle ou comme impliquant une activité inventive par rapport au document considéré isolément
- *Y* document particulièrement pertinent; l'invention revendiquée ne peut être considérée comme impliquant une activité inventive lorsque le document est associé à un ou plusieurs autres documents de même nature, cette combinaison étant évidente pour une personne du métier
- *&* document qui fait partie de la même famille de brevets

Date à laquelle la recherche internationale a été effectivement achevée

12 janvier 2001

Date d'expédition du présent rapport de recherche internationale

25/01/2001

Nom et adresse postale de l'administration chargée de la recherche internationale
Office Européen des Brevets, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax: (+31-70) 340-3016

Fonctionnaire autorisé

Maddox, A

C.(suite) DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS		
Catégorie	Identification des documents cités, avec, le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
Y	<p>20 août 1997 (1997-08-20) & DATABASE EMBL 'en ligne! ACCESSION NO:X99970, 20 août 1997 (1997-08-20) ---</p> <p>WO 98 10062 A (MONSANTO CO) 12 mars 1998 (1998-03-12) le document en entier ---</p>	3-16
P,X	<p>BONELLO, J.-F., ET AL.: "Esr genes show different levels of expression in the same region of maize endosperm" GENE, vol. 246, 2000, pages 219-227, XP002140061 le document en entier -& DATABASE EMBL 'en ligne! ACCESSION NO:AJ251318, 26 avril 2000 (2000-04-26) ROGOWSKY, P.M.: "Zea mays Esr1 gene, 5' flanking region" XP002157139 -& DATABASE EMBL 'en ligne! ACCESSION NO:AJ251319, 26 avril 2000 (2000-04-26) ROGOWSKY, P.M.: "Zea mays Esr3 gene, 5' flanking region" XP002157140 -& DATABASE EMBL 'en ligne! ACCESSION NO:AJ251320, 26 avril 2000 (2000-04-26) ROGOWSKY, P.M.: "Zea mays Esr2 gene, 5' flanking region" XP002157141 ---</p>	1-16
A	<p>WO 98 08961 A (DOAN DANNY N P ;OLSEN ODD ARNE (NO); LINNESTAD CASPER (NO)) 5 mars 1998 (1998-03-05) le document en entier ---</p>	1-16
A	<p>WO 99 40209 A (PIONEER HI BRED INT) 12 août 1999 (1999-08-12) le document en entier ---</p>	1-16
A	<p>BEATTY, M.K., ET AL.: "Zea mays SU1 isoamylase (sugary1) gene, complete cds" EMBL ACCESSION NO:AF030882, 17 novembre 1997 (1997-11-17), XP002140060 le document en entier ---</p>	1-16
A	<p>WO 93 09237 A (SANDOZ AG ;SANDOZ AG (DE); SANDOZ LTD (CH)) 13 mai 1993 (1993-05-13) page 5, alinéa 3 -page 6, alinéa 1; exemples 12,13 page 15, ligne 3 -page 17 ---</p>	1-16

C.(suite) DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS

Catégorie	Identification des documents cités, avec, le cas échéant, l'indication des passages pertinents	no. des revendications visées
A	WO 97 28247 A (BIOCEM ;LUDEVID DOLORES (ES); TORRENT MARGARITA (ES); ALVAREZ INAK) 7 août 1997 (1997-08-07) le document en entier ----	1-16
A	WO 98 26064 A (DEKALB GENETICS CORP) 18 juin 1998 (1998-06-18) le document en entier ----	1-16
A	EP 0 412 006 A (PLANT GENETIC SYSTEMS NV) 6 février 1991 (1991-02-06) page 5, ligne 21 - ligne 39 page 7, ligne 21 - ligne 31 ----	1-16
A	WO 91 09957 A (DU PONT) 11 juillet 1991 (1991-07-11) exemple 12 ----	1-16
A	CZAKO M ET AL: "DIFFERENTIAL MANIFESTATION OF SEED MORTALITY INDUCED BY SEED-SPECIFIC EXPRESSION OF THE GENE FOR DIPHThERIA TOXIN A CHAIN IN ARABIDOPSIS AND TOBACCO" MOLECULAR AND GENERAL GENETICS, DE, SPRINGER VERLAG, BERLIN, vol. 235, 1 janvier 1992 (1992-01-01), pages 33-40, XP002038059 ISSN: 0026-8925 le document en entier ----	1-16
A	DATABASE BIOSIS 'en ligne! BIOSCIENCES INFORMATION SERVICE, PHILADELPHIA, PA, US; 1998 MA QING-HU ET AL: "Seed-specific expression of the isopentenyl transferase gene (ipt) in transgenic tobacco." Database accession no. PREV199800228383 XP002140062 abrégé & AUSTRALIAN JOURNAL OF PLANT PHYSIOLOGY 1998, vol. 25, no. 1, 1998, pages 53-59, ISSN: 0310-7841 -----	1-16

RAPPORT DE RECHERCHE INTERNATIONALE

Renseignements relatifs aux numéros de familles de brevets

Demande internationale No

PCT/FR 00/02596

Document brevet cité au rapport de recherche		Date de publication	Membre(s) famille de brevet(s)	Date de publication
WO 9810062	A	12-03-1998	AU 4173497 A	26-03-1998
WO 9808961	A	05-03-1998	AU 3781897 A	19-03-1998
WO 9940209	A	12-08-1999	AU 2487699 A	23-08-1999
			EP 1053338 A	22-11-2000
WO 9309237	A	13-05-1993	AU 670417 B	18-07-1996
			AU 2920392 A	07-06-1993
			EP 0611395 A	24-08-1994
			HU 66207 A	28-10-1994
			JP 7500965 T	02-02-1995
			ZA 9208538 A	05-05-1994
WO 9728247	A	07-08-1997	FR 2744134 A	01-08-1997
			AU 1550297 A	22-08-1997
			CA 2242903 A	07-08-1997
			EP 0877754 A	18-11-1998
WO 9826064	A	18-06-1998	AU 5795898 A	03-07-1998
			EP 0942971 A	22-09-1999
			HU 0000281 A	28-06-2000
			ZA 9710988 A	08-06-1999
EP 0412006	A	06-02-1991	AT 197816 T	15-12-2000
			AU 6273390 A	11-03-1991
			CA 2038933 A	05-02-1991
			DE 69033667 D	04-01-2001
			WO 9102068 A	21-02-1991
			IE 902830 A	27-02-1991
			IL 95267 A	15-06-1998
			PT 94905 A	22-05-1991
			US 5633441 A	27-05-1997
			US 5767374 A	16-06-1998
			ZA 9006179 A	29-05-1991
WO 9109957	A	11-07-1991	AU 639059 B	15-07-1993
			AU 6974791 A	24-07-1991
			CA 2071943 A	23-06-1991
			DE 69033142 D	08-07-1999
			DE 69033142 T	23-12-1999
			EP 0506763 A	07-10-1992
			ES 2134767 T	16-10-1999
			IL 96768 A	10-06-1997
			US 5658772 A	19-08-1997

16. A method as defined in Claim 1, wherein the first and second DNA sequences are introduced into two different DNA molecules and the site-specific
5 recombination is a reciprocal exchange of DNA segments proximate to the lox sites.

17. A method as defined in Claim 16, wherein the cre
coding region is derived from bacteriophage P1.
10

18. A method as defined in Claim 17, wherein the first and second lox sites are loxP and derivatives thereof.

19. A method as defined in Claim 18, wherein the first and second lox sites are loxP.
15

20. A method of excising exogenous genes or DNA segments in transgenic plants, comprising:
20 i) introducing into the cells a DNA sequence comprising a first lox site, a second lox site in the same orientation as the first lox site, and a gene or a DNA sequence therebetween, and
25 ii) contacting the lox sites with Cre, thereby excising the heterologous gene or DNA sequence.

21. A method as defined in Claim 20, wherein the
30 gene is an undesired marker or trait gene.

22. A plant cell transformed with a DNA sequence comprising at least one lox site.

23. A plant cell containing Cre protein.
35

24. A plant cell transformed with a cre coding region.

5 25. A plant containing cells transformed with a DNA sequence comprising at least one lox site.

26. A plant of Claim 25 wherein the DNA sequence comprises two lox sites and a cre coding region.

10

27. A plant as defined in Claim 25, and having agronomic or horticultural utility.

28. A plant containing cells transformed with a cre
15 coding region.

29. A plant as defined in Claim 28, and having agronomic or horticultural utility.

20 30. A plasmid having at least one lox site and a pre-selected DNA segment selected from the group consisting of a gene, a coding region, and a DNA sequence that influences gene expression in plant cells.

25 31. A plasmid as defined in Claim 30, wherein the DNA sequence is a polyadenylation nucleotide sequence derived from the Rubisco small subunit gene.

32. A plasmid as defined in Claim 30, wherein the
30 DNA sequence is a selection marker.

33. A plasmid as defined in Claim 30, wherein the DNA sequence is a promoter.

34. A plasmid as defined in Claim 30, wherein the DNA sequence is a regulatory nucleotide sequence.

35. A plasmid having a cre coding region and a promoter that is active in plant cells.

36. A DNA sequence comprising at least one lox site and a pre-selected DNA segment selected from the group consisting of a gene, a coding region, and a DNA sequence that influences gene expression in plant cells.

37. A DNA sequence comprising a cre coding region and a promoter that is active in plant cells.

38. Plasmid Cre/Hpt-A characterized by the restriction enzyme map shown in Figure 1A, or a derivative thereof.

39. Plasmid Cre/Hpt-B characterized by the restriction enzyme map shown in Figure 1B, or a derivative thereof.

40. Plasmid loxP/NptII/Hra characterized by the restriction enzyme map shown in Figure 1C, or a derivative thereof.

41. Plasmid pZ4loxAG characterized by the restriction enzyme map shown in Figure 4, or a derivative thereof.

42. The method of Claim 1 useful in the manufacture of seedless produce.

1/7

FIG. 1A

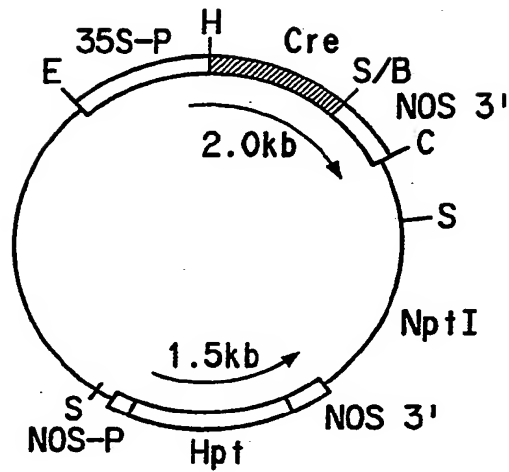
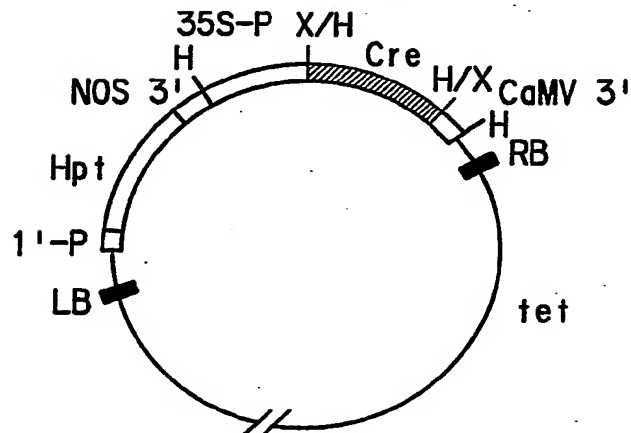


FIG. 1B



2/7

FIG. 1B

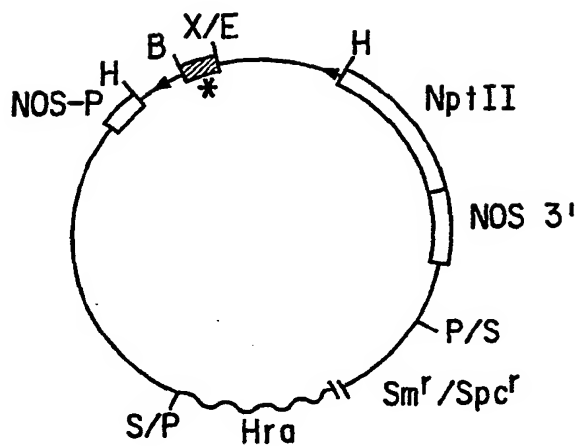
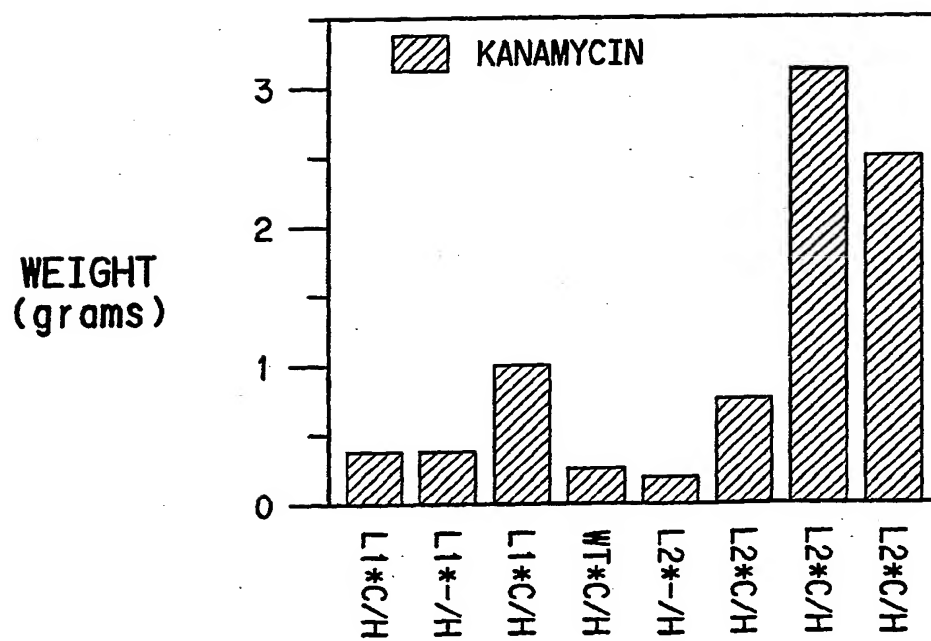


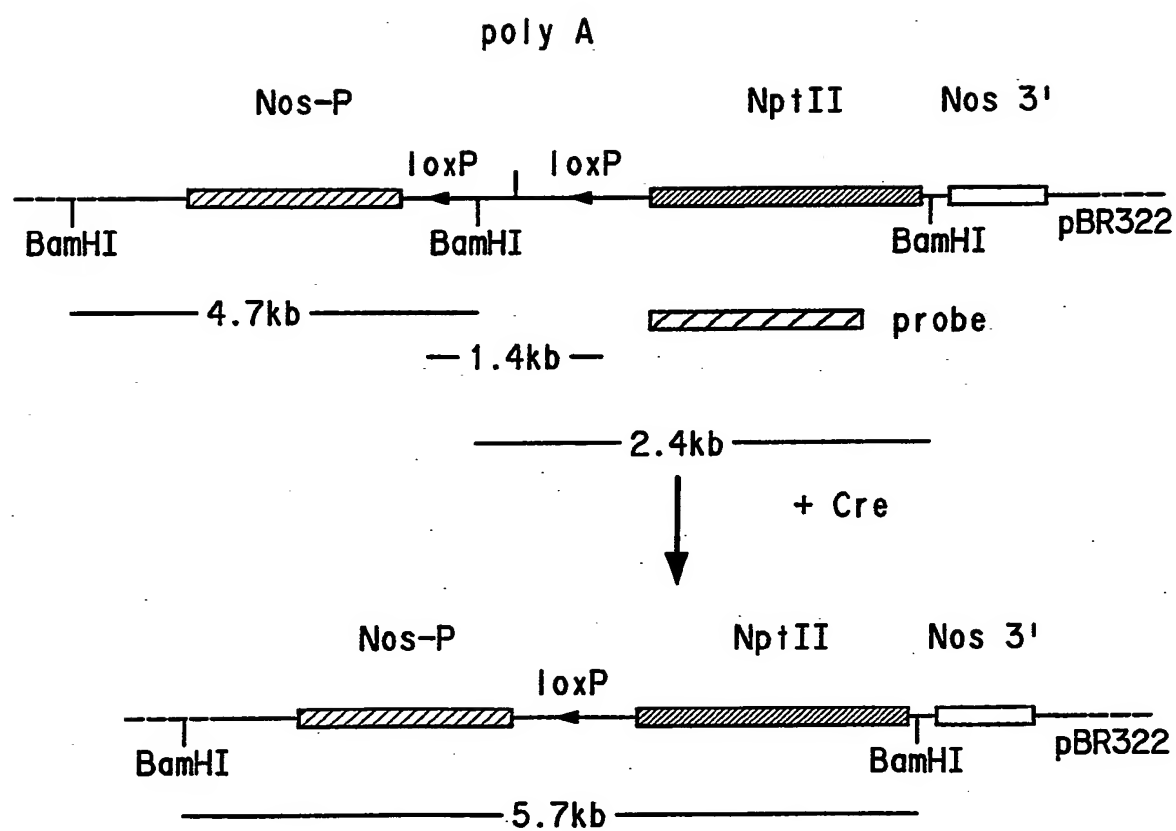
FIG. 2A



CONTINUATION SHEET

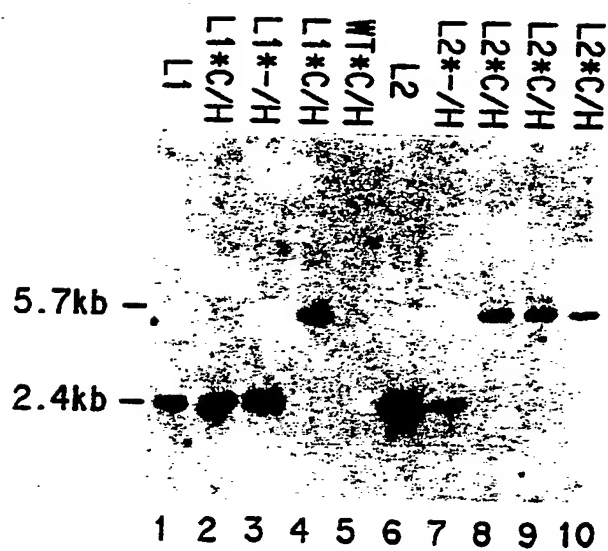
3/7

FIG. 2B



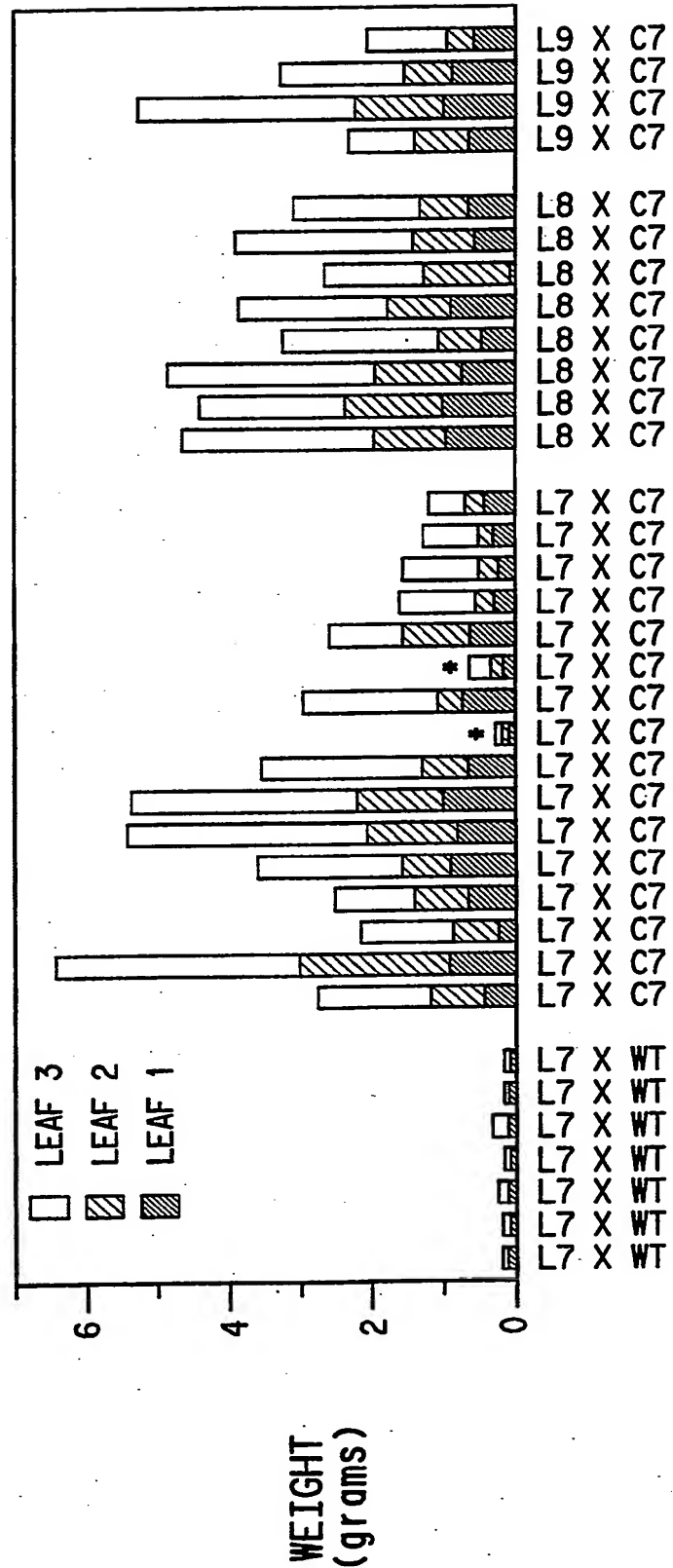
4/7

FIG. 2C

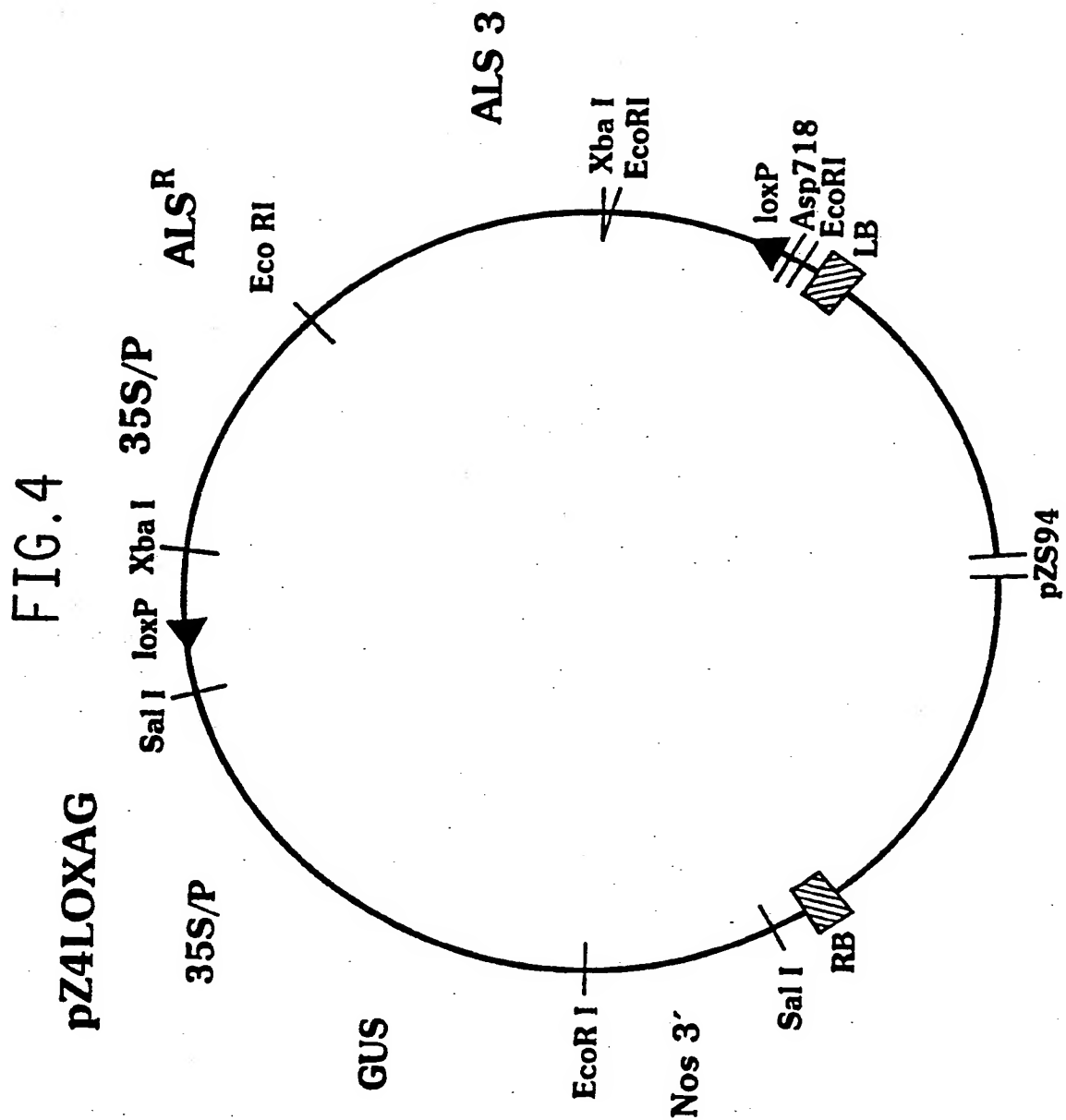


5/7

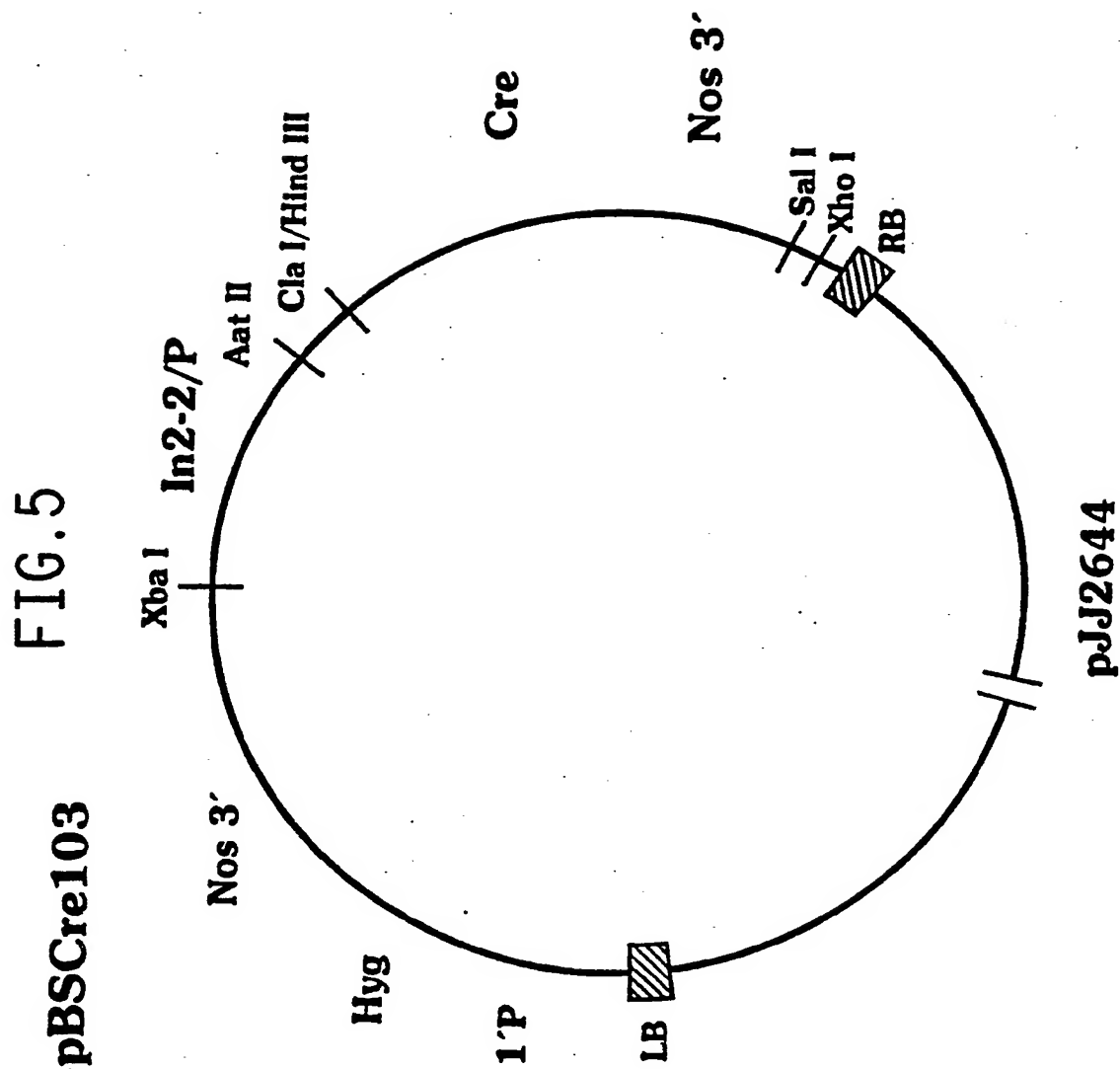
FIG. 3



6/7



7/7



INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No PCT/US 90/07295

I. CLASSIFICATION SUBJECT MATTER (If several classification symbols apply, indicate all) *

According to International Patent Classification (IPC) or to both National Classification and IPC

IPC⁵: C 12 N 15/82, C 12 N 5/10, A 01 H 5/00

II. FIELDS SEARCHED

Minimum Documentation Searched ⁷

Classification System

Classification Symbols

IPC⁵

C 12 N, A 01 H

Documentation Searched other than Minimum Documentation
to the Extent that such Documents are Included in the Fields Searched *

III. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT *

Category *	Citation of Document, ¹¹ with indication, where appropriate, of the relevant passages ¹²	Relevant to Claim No. ¹³
X	Nucleic Acids Research, vol. 17, no. 1, 1989, B. Sauer et al.: "Cre-stimulated recombination at loxP-containing DNA sequences placed into the mammalian genome", pages 147-161 see abstract; page 148, "Plasmid constructions"; (cited in the application)	30, 32-34, 36
A	--	1-29, 31, 35, 37
A	EP, A, 0220009 (DU PONT) 29 April 1987 see the whole document --	1-37
P, X	Mol. Gen. Genet, vol. 223, September 1990, Springer-Verlag 1990, J. Odell et al.: "Site-directed recombination in the genome of transgenic tobacco", pages 369-378 see the whole article ./.	1-10, 20-40

* Special categories of cited documents: ¹⁰ --

"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance

"E" earlier document but published on or after the international filing date

"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)

"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means

"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed

"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention

"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step

"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.

"A" document member of the same patent family

IV. CERTIFICATION

Date of the Actual Completion of the International Search

26th March 1991

Date of Mailing of this International Search Report

23. 04. 91

International Searching Authority

EUROPEAN PATENT OFFICE

Signature of Authorized Officer

M. PEIS

M. Peis

III. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT (CONTINUED FROM THE SECOND SHEET)		
Category *	Citation of Document, ¹¹ with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to Claim No.
P,X	Gene, vol. 91, 1990, Elsevier Science Publishers B.V., E.C. Dale et al.: "Intra- and inter- molecular site-specific recombination in plant cells mediated by bacterio- phage P1 recombinase", pages 79-85 see the whole article -----	11-19

US 9007295
SA 43346

The European Patent Office is in no way liable for these particulars which are merely given for the purpose of information.

EPO FORM P0479

BNSDOCID: <WO____9109957A1_I_>

